

Variabilidade Molecular (RFLPs) em Ciclos de Seleção da 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 ²LAMKEY, 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

Marcadores moleculares podem fornecer informações acerca dos efeitos de seleção recorrente na estrutura genética de populações. Nível de polimorfismo, número de alelos, e observada e esperada heterozigose são exemplos de medidas de variação genética que podem ser geradas baseadas em dados de marcadores moleculares (Nei, 1987). Há poucas pesquisas que usaram marcadores moleculares para avaliação da estrutura genética de populações de milho melhoradas por seleção recorrente (Heredia-Diaz et al., 1996, Labate et al., 1997, 1999, e 2000; Popi et al., 2000). Labate et al. (1997) monitorou mudanças nas frequências alélicas e genotípicas de 82 loci (RFLPs) num programa de seleção recíproca recorrente (SRR) envolvendo as populações BSSS and BSCB1. Eles observaram que depois de 12 ciclos de seleção a diversidade genética foi reduzida dentro de ambas populações enquanto a distancia genética entre elas aumentou, resultados que estão de acordo com o que seria esperado ocorrer em programas de SRR. Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS) tem sido melhorada por seleção recorrente intrapopulacional (SRI) e SRR desde 1939 e 1949, respectivamente (Sprague, 1946; Smith, 1983). Ambos programas de melhoramento foram objetos de muitos estudos baseados em dados fenotípicos, porém o programa de SRI ainda não tinha sido avaliado baseado em marcadores moleculares. O objetivo desse trabalho foi avaliar os efeitos do programa de SRI na estrutura genética de BSSS com uso de dados de RFLPs.

MATERIAL E MÉTODOS

BSSS é um sintético formado por 16 linhagens tolerantes ao quebraamento do colmo (Sprague, 1946). 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. Plantas dos seguintes ciclos foram genotipadas: BSSSP (16 linhagens progenitoras), BS13(S)C0 (90 plantas do ciclo original de PS2) e BS13(S)C7 (102 plantas do 70 ciclo 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 EcoR1 (usada em 19 combinações). No total, 105 loci de RFLPs foram identificados. Para cada locus, as frequências alélicas e genotípicas foram usadas para a estimação de diversas estatísticas: proporção de loci polimórficos, heterozigose esperada, frequência do alelo mais comum e número de alelos, os quais foram calculados por meio programa "Genetic Data Analyses" (Lewis and Zaykin,

2001). A equação $Het = He_0[1 - (1/2Ne)]^t$ (Nei, 1987) foi usada para se fazer predições sobre a heterozigose esperada (He) para C0 e C7 e futuros ciclos de seleção. Nesta equação, t significa número de gerações e Ne, a média harmônica do tamanho efetivo populacional. HeC0 and HeC7 foram preditos respectivamente pelas equações $HeP[1 - (1/20)]^7$ e $HeC0[1 - (1/30)]^7$.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Aproximadamente 50% dos alelos de BSSSP apresentavam frequência entre 0,062 and 0,125, indicando que os mesmos podem ser rastreados somente para 1 ou 2 das linhagens progenitoras. (Figura 1). Já as distribuições de frequências alélicas para C0 e C7 tenderam a um formato de U, ou seja, apresentaram baixas concentrações de alelos com frequências intermediárias. A proporção de loci polimórficos, a heterozigose esperada e o número total de alelos foram bastante reduzidos com os ciclos de SRI (Tabela 1). Comparando com BSSSP, o número total de alelos foi reduzido para 43% em C0 e 47% em C7. Cerca de 40% dos alelos em BSSSP foram únicos, ou seja, não foram detectados em C0 e C7 (Tabela 1). A frequência média desses alelos únicos para BSSSP foi de 0,11, de acordo com o esperado, pois alelos raros apresentam maiores probabilidades de serem perdidos (Comstock, 1996). Os resultados apresentados na Tabela 1 revelam uma considerável redução na variabilidade genética dessa população com o decorrer dos ciclos de seleção. A variabilidade genética observada em C0, ao invés de ser intermediária entre P e C7, foi mais próxima da de C7. Provavelmente, o reduzido número médio de progênies selecionadas (10) durante os ciclos de PMI foi o maior responsável por essa perda de variabilidade. Adicionalmente, pela comparação dos valores preditos com os calculados para He, observamos que eles foram próximos para C7, porém, para C0, o valor predito foi maior que o calculado (dados não mostrados). Estes resultados indicam que durante os ciclos de PMI o tamanho efetivo populacional foi provavelmente menor que a média harmônica do número de progênies selecionadas. A frequência de alelos únicos em C0 e C7 foi baixa, sugerindo que contaminação (migração) nesse programa de seleção não foi uma fonte importante de variabilidade genética. A frequência média do alelo mais comum de cada locus aumentou com os ciclos de seleção (Tabela 1). Em C7 essa frequência foi de 0,82, indicando que somente seleção direcional favorecendo alelos de baixa frequência ou migração poderão aumentar a variabilidade genética nos loci de RFLPs amostrados para esta população. A correlação da frequência do alelo mais comum (FAC) com esperada heterozigose (He), considerada como medida padrão de variabilidade genética, foi próxima de um e significativamente maior que a correlação de número de alelos com He (Tabela 2). Considerando estes resultados, juntamente com a utilidade da FAC para estimação de tempo e probabilidade de fixação de alelos, sugere-se que esta variável poderia ser utilizada mais frequentemente como medida de diversidade genética. Os próximos ciclos de seleção foram preditos apresentarem baixos valores para He, valores que também são preditos serem próximos aos dos estimados para C7 (dados não mostrados). A baixa resposta para produtividade de grãos observadas nos primeiros ciclos de PMS2 (Lamkey, 1992; Holthaus e Lamkey, 1995), e a limitada variabilidade nos loci de RFLPs que nós estimamos para C7 e predizemos para os futuros ciclos de seleção são indicadores que BS13(S)C7 pode não ter variabilidade genética suficiente para sustentar substanciais ganhos genéticos para produtividade de grãos por um longo período de seleção.

Tabela 1. Estatísticas relacionadas com número e freqüência de alelos estimadas nas populações BSSSP, BS13(S)C0, and BS13(S)C7 baseadas numa amostra de 105 loci de RFLPs.

	BSSSP	BS13(S)C0	BS13(S)C7
Proporção de loci polimórficos (<0.95)	0,98	0,79	0,6
Número total de alelos	439	251	231
Esperada heterozigose	0,58 ± 0,02	0,34 ± 0,02	0,26 ± 0,02
Freqüência média do alelo mais comum	0,56 ± 0,018	0,75 ± 0,019	0,82 ± 0,019
Número de alelos únicos	174	5	7

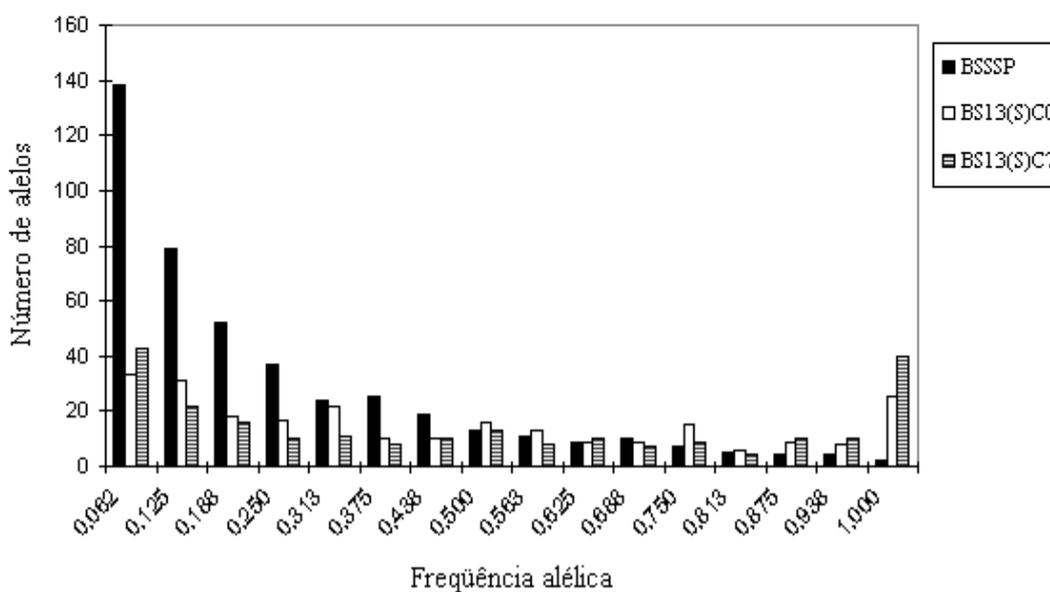


Figura 1. Distribuições de freqüências alélicas nas gerações BSSSP, BS13(S)C0 e BS13(S).

Tabela 2. Correlações entre três medidas de diversidade genética (alelo mais comum, FAC, número de alelos, NA, e heterozigose esperada, He) estimadas em três gerações da população BSSSP †.

	BSSSP	BS13(S)C0	BS13(S)C7
FAC vs. He	-0,96 ± 0,008	-0,94 ± 0,024	-0,96 ± 0,014
NA vs. He	0,78 ± 0,027	0,76 ± 0,039	0,70 ± 0,049
FAC vs. NA	-0,72 ± 0,041	-0,66 ± 0,064	-0,66 ± 0,058

† Erros padrões foram estimados por "jackknife".

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Comstock, R.E. 1996. Quantitative genetics with special reference to plant and animal breeding. Iowa State University Press, Ames, Iowa.
- Heredia-Diaz, O., A. Alsirt, L.L. Darrah e E.H. Coe. 1996. Allelic frequency changes in the MoSCSSS maize synthetic in response to bi-directional recurrent selection for rind penetrometer resistance. *Maydica* 41: 65-76.
- Holthaus, J.H. e K.R. Lamkey. 1995. Populations means and genetic variances in selected and unselected Iowa Stiff Stalk Synthetic maize populations. *Crop Sci.* 35: 1581-1589.
- 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. 1999. Temporal changes in allele frequencies in two reciprocally selected maize populations. *Theor. Appl. Genet.* 99: 1166-1178.
- 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.
- Lamkey, K.R. 1992. Fifty years of recurrent selection in the Iowa Stiff Stalk Synthetic maize populations. *Maydica* 37: 19-28.
- 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. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.
- 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.
- Smith, O.S. 1983. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1, and BS13 maize populations. *Crop Sci.* 23: 35-40.
- Sprague, G.F. 1946. Early testing of inbred lines of corn. *J. Am. Soc. Agron.* 38: 108-117.