

**GENETIC VARIATION WITHIN A BASE POPULATION OF *EUCALYPTUS GRANDIS* HILL EX MAIDEN USING RAPD MARKERS.** SUSI MEIRE MAXIMINO LEITE<sup>1</sup>, CÉSAR AUGUSTO BONINE<sup>2</sup>, CATALINA ROMERO LOPES<sup>1</sup>, EDSON SEIZO MORI<sup>3</sup>, CELINA FERRAZ DO VALLE<sup>2</sup> e CELSO LUIS MARINO<sup>1</sup>.

1- DEPARTAMENTO DE GENÉTICA/I.B. UNESP-CAMPUS DE BOTUCATU-SP/BRAZIL.  
2- PESQUISADORES DA COMPANHIA VOTORANTIM CELULOSE E PAPEL S.A. (VCP). UNIDADE DE LUIZ ANTÔNIO, ROD. SP 255, KM 41, LUIZ ANTÔNIO-SP BRAZIL.  
3- DEPARTAMENTO DE AGRICULTURA E MELHORAMENTO VEGETAL/FCA UNESP-CAMPUS DE BOTUCATU-SP/BRAZIL.

Molecular markers have been used for different plant species aiming to evaluate their genetic background. The challenge nowadays is to have these amount of knowledge helping breeders to screen their material in the most reliable way. This work was carried out as a cooperative program between the Department of Genetics / I.B. UNESP - Botucatu and Companhia Votorantim Celulose e Papel S.A. (VCP - Brazil) aiming to find out the genetic variability in a *Eucalyptus grandis* base population for breeding purposes. A parcel of 74 plants from the whole sample of 336 were evaluated by the analysis of 57 RAPD loci given. The results suggested the level of variability found within the base population was enough to support future phenotypic selections, since the base population and the natural population cluster were very similar to each other.

Financial support by: Votorantim Celulose e Papel S.A. (VCP).

## G.53

**AValiação DAS RELações DE SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE MILHO (*Zea mays* L.) ATRAVÉS DE RAPD.** Luciana Rossini Pinto<sup>1</sup>, Eliana G. M. Lemos<sup>1</sup>, José Roberto MÔro<sup>2</sup>. (1)Depto. de Tecnologia, (2)Depto. Biologia Aplicada - UNESP/Jaboticabal.

As relações de similaridade genética entre linhagens endogâmicas de milho pertencentes a dois grupos contrastantes quanto à capacidade de combinação geral, foram avaliadas por meio do polimorfismo do DNA amplificado ao acaso (RAPD). De um total de 57 primers testados, 20 primers promoveram a amplificação do DNA genômico das linhagens estudadas. O primer B10 gerou uma banda (1.23 bp) de forte intensidade, que se destacou no grupo das linhagens com capacidade de combinação inferior. Apesar do número apreciável de bandas polimórficas obtidas, os primers selecionados não foram suficientes para revelar um padrão de bandas que pudesse caracterizar os dois grupos de linhagens quanto à capacidade de combinação geral. Os dendrogramas obtidos pela análise de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group with Arithmetic Mean) efetuada a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard, revelaram que as linhagens endogâmicas apresentam uma base genética muito ampla e que contêm conservadas entre si, em média, aproximadamente, 35% do material genético.

Apoio financeiro: CAPES

**GENETIC VARIATION DETECTED BY RAPDs WITHIN A *Eucalyptus grandis* HILL EX MAIDEN POPULATION SELECTED FOR SAWMILL PURPOSES.**

ROSILENE BATISTA DE AGUIAR<sup>1</sup>, ELAINE SANDRA NICOLINI<sup>1</sup>, CELSO LUIS MARINO<sup>1</sup>, CATALINA R. LOPES<sup>1</sup>.  
1. DEPARTAMENTO DE GENÉTICA/I.B. UNESP "CAMPUS" DE BOTUCATU-SP BRAZIL.

Random Amplified Polymorphic DNAs were utilized for to quantify the genetic variation within a particular *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden population selected morphologically to sawmill purposes. As this population was originated from a few individuals from Australia introduced first in South African and later in Brazil at the end of the last century, there was a great commercial interest in evaluating the level of genetic diversity still available. Fifty selected individuals from the main population maintained by Flosul Ind. Com. de Madeiras Ltda. in Rio Grande do Sul State were analysed by using arbitrary ten base-pair primers to identify and assess the genetic diversity. That genetic diversity was estimated on the base of pair-wise comparisons of RAPD marker analysis and dendograms were constructed. A high degree of genetic variability was detected in the evaluated sample which can be easily exploited in the breeding programs.

Supported by Flosul Ind. e Com. de Madeiras Ltda and Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

## G.54

**ANÁLISE FILOGENÉTICA E CORRELAÇÕES ENTRE DISTÂNCIA ESTIMADA COM RAPDs E CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO EM 28 VARIEDADES DE MILHO.**

Jurandir Magalhães, Sidney N. Parentoni, Elto E.G. Gama, Manoel X. Santos, Cleso A.P. Pacheco, Paulo E.O. Guimarães, Maurício A. Lopes, Maria J.V. Vasconcelos, Edilson Paiva.  
CNPMS/EMBRAPA, Sete Lagoas, M.G.

Vinte e oito variedades de milho representando a coleção ativa utilizada pelo programa de melhoramento de milho do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS/EMBRAPA) foram utilizadas como parentais em um dialelo. Os 28 pais e os 378 F1's foram avaliados em 5 locais por dois anos. DNA obtido a partir de um bulk de 100 plântulas de cada variedade foi utilizado para análise de RAPD. Até o momento foram testados 30 primers que produziram um total de 92 bandas polimórficas. Os dados de RAPD foram utilizados para obter um dendograma das 28 variedades. Resultados da análise filogenética concordaram com aqueles esperados pelo pedigree. Dados de capacidade específica de combinação (cec) obtidos em 2 anos e 5 locais foram utilizados para determinar dois grupos heteróticos, um com 4 variedades (BR106, CMS50, BAIH Tuson e Sintético Elite) e outro com 6 variedades (BR105, BR111, CMS14C, CMS04N, ND, e CMS04C). CEC obtida em 5 ambientes e dez ambientes foram correlacionados com distâncias obtidas com RAPD. Quando dados de todos os 378 F1's foram utilizados a correlação foi baixa ( $r=0.15$ ). Quando se utilizou somente os 2 grupos heteróticos e dados de cec obtidos de 10 ambientes, esta correlação foi de 0.67. Os resultados indicam que RAPD pode vir a ser utilizado para classificação filogenética em variedades de milho e que uma melhor estimativa a nível de campo de cec (10 ambientes x 5 ambientes) é necessária para tentar correlacionar-se distância genética com cec.

Apoio: RHAE/CNPq - PRONEX - CNPMS/EMBRAPA