

IMPACTO DE 14 CICLOS DE SELEÇÃO NA ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO “IOWA STIFF STALK SYNTHETIC”.

Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães¹ e Kendall Raye Lamkey²

Palavras-chave: marcadores moleculares, frequências alélicas, distância genética, seleção recorrente.

INTRODUÇÃO

O uso de marcadores moleculares pode auxiliar no monitoramento de populações sob efeito de seleção recorrente. Alguns estudos têm fornecido diversas informações sobre mudanças nas estruturas de populações de milho. Labate et al. (1997) avaliaram 12 ciclos de seleção recíproca recorrente e observaram que a diversidade genética foi reduzida dentro de ambas populações de milho enquanto a distancia genética entre elas aumentou. 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. 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 ambos estudos foi possível distinguir ciclos de seleção com o uso dessa técnica. Brown and Allard (1971) e Revilla et al. (1997) relataram que mudanças nas frequências alélicas em populações melhoradas poderiam ser atribuídas somente à oscilação genética, enquanto Heredia-Diaz et al. (1996) e Labate et al. (1999) indicaram que em alguns loci as mudanças observadas não poderiam ser explicadas somente por esse fator.

A população de milho “Iowa Stiff Stalk Synthetic” (BSSS) está sendo melhorada por seleção recorrente intrapopulacional por mais de 60 anos. A proposta desse estudo foi avaliar os efeitos desse programa de seleção na estrutura genética dessa população.

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 S_2 , PS_2) foi avaliado. Plantas dos seguintes ciclos foram genotipadas para 100 combinações prova-enzima: BSSSP (16 linhagens progenitoras, sendo 10 originadas da população “RYD” e 6 de outras origens), BS13(S)C0 (90 plantas do ciclo original de PS_2) e BS13(S)C7 (102 plantas do 7^o ciclo de PS_2).

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. O programa “Genetic Data Analysis” (Lewis and Zaykin, 2001) foi usado para a

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

estimação de diversas medidas de variabilidade genética. Análise de componentes principais e distância genética de Nei (1978) foram usadas para a determinação da divergência molecular entre as três gerações avaliadas. O teste de Waples (1989) foi utilizado para determinar se mudanças nas frequências alélicas com o decorrer das gerações podem ou não ser atribuídas somente à oscilação genética e erros amostrais.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número total de alelos foi 439, 251 e 231 para BSSSP, BS13(S)C0 e BS13(S)C7, respectivamente. Cerca de 40% dos alelos em BSSSP foram únicos, ou seja, não foram detectados em C0 e C7. A heterozigose esperada e a frequência média do alelo mais comum foram 0,58, e 0,56 para BSSSP; 0,34 e 0,75 para BS13(S)C0; e 0,26 e 0,82 para BS13(S)C7. Esses resultados revelam uma considerável redução na variabilidade genética dessa população com o decorrer dos ciclos de seleção. O ciclo P mostrou a maior variação interna e foi situado distante tanto de C0 quanto de C7 enquanto os ciclos C0 e C7 mostraram pouca variabilidade interna e foram localizados bem próximos um do outro (Figura 1). Tanto os resultados da análise de componentes principais (Figura 1) quanto os da distância genética entre ciclos de seleção (Figura 2) indicaram que uma das conseqüências desse programa de seleção foi um aumento na divergência genética entre os ciclos, principalmente durante os sete ciclos com progênies de meios-irmãos.

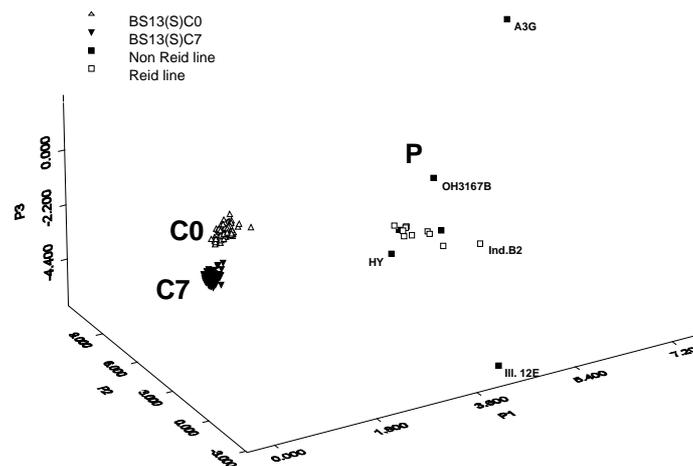


Figura 1. Diagrama para os escores dos três componentes principais (P1, P2, e P3) de indivíduos dos ciclos BSSSP, BS13(S)C0 e BS13(S)C7 em 105 loci de RFLPs.

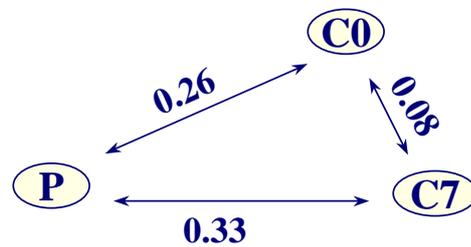


Figura 2. Distância genética de Nei (1978) entre três ciclos de seleção na população de milho BSSS

Considerando-se todos os 14 ciclos de seleção, a hipótese nula do teste de Waples foi rejeitada em aproximadamente 30% dos loci. Esse resultado indica que uma considerável fração dos loci avaliados apresentou mudanças nas frequências alélicas que não podem ser explicadas somente por oscilação genética. A maioria dos alelos únicos de cada linhagem parental não foi detectada nos ciclos posteriores de seleção. Dos seis alelos únicos da linhagem III. Hy que foram detectados em C0 e C7, cinco apresentaram frequências médias de 0,06 em P, 0,65 em C0 e 0,80 em C7. As mudanças de frequências nesses cinco alelos com o decorrer dos ciclos de seleção foram maiores do que se poderia explicar num modelo de oscilação genética e seus respectivos loci 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. A linhagem III. Hy também mostrou um padrão diferente quanto à divergência genética para os ciclos de seleção, devido ter apresentado uma das maiores distâncias genéticas (DG) para P, a menor para C7, e menor DG que a média para C0. Adicionalmente, esta linhagem foi a única a apresentar DG menor para C7 que C0. Esses resultados indicam que esta linhagem contribuiu relativamente mais que as outras parentais para a composição dos ciclos avançados de seleção amostrados.

CONCLUSÕES

1. A estrutura genética da população BSSS foi alterada com este programa de seleção
2. Ciclos avançados de seleção apresentaram redução na variabilidade genética
3. Houve aumento na divergência genética entre os ciclos de seleção .
4. Considerável fração dos loci avaliados apresentou mudanças nas frequências alélicas que não podem ser explicadas somente por oscilação genética.
5. A linhagem parental Hy provavelmente contribuiu relativamente mais que as outras parentais para a composição dos ciclos avançados de seleção amostrados

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BROWN, A.H.D. E R.W. ALLARD. 1971. **Effect of reciprocal recurrent selection for yield on isozyme polymorphisms in maize (*Zea mays L.*)**. Crop Science 11: 888-893

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.

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 Science 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**. Theoretical and Applied Genetics 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.

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.

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 Science 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**. Theoretical and Applied Genetics 95: 1057-1061.

Waples, R.S. 1989. **Temporal variation in allele frequencies: testing the right hypothesis**. Evolution 43: 1236-125.1

