

ASSOCIAÇÃO DA DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS PROGENITORAS COM DESEMPENHO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO

Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães¹ e Kendall Raye Lamkey²

Palavras-chave: marcadores moleculares, predição de híbridos, distância genética.

INTRODUÇÃO

Uma questão pertinente em melhoramento de milho é determinar a associação da distância genética entre linhagens parentais com o desempenho de híbridos simples. Os resultados de estudos prévios são contraditórios. Smith et al. (1990) observaram um coeficiente de correlação de determinação de 0,87 entre essas duas variáveis e Lanza et al. (1997) encontraram duas correlações maiores ou iguais a 0,7. Porém, a maioria dos trabalhos relataram valores de correlação menores ou iguais a 0,5 entre distância genética entre progenitores e performance de híbridos (Lamkey et al. 1987, Lee et al. 1989; Godshalk et al. 1990; Melchinger et al. 1990a e 1990b; Dudley et al. 1991; Ajmone Marsan et al. 1998). O objetivo desse trabalho foi determinar o grau de associação entre performance de híbridos simples e distância genética entre linhagens parentais da população "Iowa Stiff Stalk Synthetic"

MATERIAL E MÉTODOS

BSSS é um sintético formado por 16 linhagens tolerantes ao quebramento do colmo (Sprague, 1946). As linhagens progenitoras dessa população foram genotipadas 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. O programa "Genetic Data Analysis" (Lewis and Zaykin, 2001) foi usado para cálculo da estimativa não viesada de distância genética padrão proposta por Nei (1978). As frequências alélicas de todos os locos foram consideradas para estimação das distâncias genéticas entre as linhagens estudadas.

Stucker e Hallauer (1992) avaliaram a capacidade combinatória dessas linhagens para produtividade e outras características de interesse agrônomo. Cada linhagem foi cruzada com outras 12, produzindo um total de 96 cruzamentos que foram avaliados em ensaios conduzidos por 2 anos em 3 localidades do estado de Iowa. As estimativas de produtividade para esses 96 híbridos simples obtidas por Stucker e Hallauer (1992) foram correlacionadas com as correspondentes 96 estimativas de distância genética entre as linhagens parentais desses híbridos.

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

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A distância genética média entre todas as 16 linhagens foi de 0,93, indicando que os parentais dessa população sintética apresentaram uma considerável variação genética para os loci avaliados. Messmer et al. (1991) estimaram a distância genética de Roger para esse mesmo grupo de linhagens numa amostra de 144 loci de RFLPs. Eles também detectaram uma grande variação para distância genética entre essas linhagens. A correlação entre nossas estimativas de distância genética e as de Messmer et al. (1991) foi de 0,43 ($p < 0,001$), sugerindo que as estimativas de distâncias genéticas entre um conjunto de indivíduos é dependente da amostragem dos locus e da metodologia usada para estimação de distância genética.

A correlação entre a produtividade de 96 híbridos simples, estimada por Stucker e Hallauer (1992), e as distâncias genéticas entre as linhagens parentais correspondentes foi 0,05 ($p = 0,61$). Também calculamos a correlação entre as distâncias genéticas entre essas mesmas linhagens parentais, estimadas por Messmer et al. (1991), e a produtividade dos 96 híbridos simples correspondentes, estimadas por Stucker e Hallauer (1992), e obtivemos o valor de 0,17 ($p = 0,10$). Por conseguinte, as distâncias genéticas entre essas linhagens parentais não foram boas preditoras dos desempenhos de seus híbridos simples. Bernardo (1992) sugere que algumas das razões que podem explicar fraco grau de associação entre distâncias genéticas de linhagens progenitoras e desempenho de híbridos são: baixa herdabilidade, fraco efeito de dominância, baixa proporção de marcadores ligados aos QTLs e correlação positiva para frequências alélicas entre linhagens progenitoras.

CONCLUSÕES

1. Distâncias genéticas entre linhagens parentais não foram boas preditoras dos desempenhos de seus híbridos simples
2. O uso de distâncias genéticas entre linhagens parentais baseadas em amostragens aleatórias de marcadores moleculares para predição de performance de híbridos para caracteres quantitativos têm pouco valor prático para programas de melhoramento de milho.
3. Há considerável variabilidade genética entre as linhagens progenitoras da população "Iowa Stiff Stalk Synthetic" para os loci de RFLPs amostrados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Ajmone Marsan, P., P. Castiglioni, F. Fusari, M. Kuiper e M. Motto. 1998. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics* 96: 219-227.

Bernardo, R. 1992. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. *Theoretical and Applied Genetics* 83: 628-634.

Dudley, J.M., M.A. Saghai Maroof e G.K. Rufener. 1991. Molecular markers and grouping of parents in a maize breeding program. *Crop Science*. 31: 718-723.

Godshalk, E.B., M. Lee e K.R. Lamkey. 1990. Relationship of restriction fragment length polymorphisms to single-cross hybrid performance of maize. *Theoretical and Applied Genetics* 80:273-280.

Lamkey, K.R, A.R. Hallauer e A.L. Kahler. 1987. Allelic differences at enzyme loci and hybrid performance in maize. *Journal of Heredity* 78: 231-234.

Lanza L. L. B., C. L. de Souza Jr., L. M. M. Ottoboni, M. L. C. Vieira, L. L. B., A. P. de Souza. 1997. Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single-cross performance using RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics* 94: 1023-1030.

Lee, M., E.B. Godshalk, K.R. Lamkey, e W.W. Woodman. 1989. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses. *Crop Science* 29: 1067-1071.

Lewis, P. O. e D. Zaykin. 2001. Genetic Data Analysis: Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d16b). Free program distributed by the authors over the internet from <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>

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. *Theoretical and Applied Genetics* 83: 97-107.

Melchinger, A.E., M. Lee, , K.R. Lamkey e W.L. Woodman. 1990a. Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms: relation to estimated genetic effects in maize hybrid. *Crop Science* 30: 1033-1040.

Melchinger, A.E., M. Lee, K.R. Lamkey, A.R. Hallauer, and W.L. Woodman. 1990b. Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms and heterosis for two diallel sets of maize inbreds. *Theoretical and Applied Genetics* 80: 488-496.

Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583:590.

Smith, O.S., J.S.C. Smith, S.L. Bowen, R.A. Tenborg, and S.J. Wall. 1990. Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F1 grain yield, grain yield, heterosis, and RFLPs. *Theoretical and Applied Genetics* 80: 833-840.

Stucker, D.S. and A.R. Hallauer. 1992. Genetic variability as affected by selection in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. *Journal of Heredity* 83: 410-418.

Sprague, G.F. 1946. Early testing of inbred lines of corn. *J. Am. Soc. Agron.* 38; 108-117.