# Avaliação do Impacto de 14 Ciclos de Seleção Recorrente nas Freqüências Alélicas (RFLPs) 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 LAMKEY, K. R. 2.

1 Embrapa Milho e Sorgo, Cp 151, Sete Lagoas, MG, 35701-9790. evaristo@cnpms.embrapa.br

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

## INTRODUÇÃO

Poucas pesquisas têm sido feitas para avaliação de mudanças nas freqüências alélicas em populações melhoradas de milho. Enquanto Brown and Allard (1971) e Revilla et al. (1997) relataram que essas mudanças poderiam ser atribuídas somente à oscilação genética, Stuber et et al. (1980), 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. O objetivo desse trabalho foi avaliar o impacto de 14 ciclos de seleção recorrente (7 ciclos com progênies de meios irmãos, PMI, seguidos de 7 ciclos com progênies S2, PS2) nas freqüências alélicas (RFLPs) da população de milho "Iowa Stiff Stalk Synthetic" (BSSS).

#### MATERIAL E MÉTODOS

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. Waples (1989) desenvolveu um teste para determinar se mudanças nas freqüências alélicas podem ou não ser atribuídas somente à oscilação genética. Assuma que x0 e xt são as frequências de um alelo amostradas em diferentes gerações. A quantidade (x0-xt)2 / V(x0-xt) segue uma distribuição de X2 e pode ser usada para testar a hipótese nula que oscilação genética e erros amostrais possam ser suficientes para explicar as mudanças observadas nas freqüências alélicas com o decorrer das gerações. Em V(x0-xt) há componentes de amostragem estatística e genética. Para a estimação de V(x0-xt) várias medidas são necessárias: Ne, o tamanho efetivo de população, estimado como a média harmônica do número de progênies recombinadas em sucessivas gerações, "t', o número de gerações e Sn, o tamanho da amostra na geração N. O programa TEMPTEST (R. Waples, comunicação pessoal) foi usado para calcular o teste de Waples (plano amostral II) considerando todos os 14 ciclos de seleção (Ne = 12, t = 14, S0 = 16, S7 = 90 e S14 = 102). Com TEMPTEST pode-se avaliar até três alelos por locus em diversas gerações. Um outro programa foi desenvolvido (K. R. Lamkey, comunicação pessoal) usando SAS-IML linguagem (SAS Institute, 1990) para a

avaliação de múltiplos alelos por locus em duas gerações. Este programa foi usado para calcular o teste de Waples para os sete ciclos de PMI (Ne = 10, t = 7, S0 = 16 e S7 = 90) e também para os 7 ciclos de PS2 (Ne = 15, t = 7, S7 = 90 e S14 = 102).

#### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para os períodos de seleção com meios-irmãos e progênies S2, a hipótese nula do teste de Waples foi rejeitada em 14 e 23 loci, respectivamente (Tabela 1). Quando todos os 14 ciclos de seleção foram considerados, a hipótese nula do teste de Waples foi rejeitada em aproximadamente 30% dos loci.. Esses resultados indicam que uma considerável fração dos loci avaliados apresentou mudanças nas freqüências alélicas que não podem ser explicadas somente por oscilação genética. Quatorze ciclos de seleção podem ser considerados como um período muito curto para mutação ser uma fonte importante de variação alélica e esse processo de seleção foi feito com precaução para evitar migração (contaminação). Também, se algum ou ambos desses fatores tivessem sido importantes, poderíamos esperar que uma considerável proporção de alelos únicos tivesse sido observada nos ciclos avançados de seleção. Porém, num trabalho anterior, observamos somente uma pequena fração de alelos únicos nesses ciclos. Portanto, seleção, direta ou indiretamente, provavelmente foi o principal causador de mudanças frequências alélicas dos loci onde a hipótese nula do teste de Waples foi rejeitada. Labate et al. (1999) monitorou mudanças nas freqüências alélicas de 82 loci (RFLPs) em duas populações sob seleção recorrente recíproca, BSSS(R) e BSCB1(R). A hipótese nula de Waples foi rejeitada em cerca de 17% dos loci de cada população. Seis loci (bnl09.44, umc030, umc034, umc054, umc108 e umc128) na população BSSS mostraram variação significante tanto em nosso estudo quanto no de Labate et al. (1999). Quatro loci (bnl06.32, bnl07.71, bnl12.09 e umc110) mostraram desvios significantes do modelo de oscilação genética tanto na população BSSS (nosso estudo) quanto nas populações BS13 e BSCB1 (Labate et al, 1999). Poderia ser interessante avaliar o efeito desses 10 loci na resposta à seleção para caracteres de interesse num programa de seleção assistida por marcadores baseado no ciclo original da população BSSS. Novos estudos poderiam também pesquisar quais desses loci poderiam estar ligados a QTLs para os caracteres de interesse através da avaliação fenotípica e molecular de progênies de diferentes ciclos de seleção.

Tabela 1. Lista de loci que apresentaram mudanças nas freqüências alélicas maiores do que se poderia esperar num modelo de oscilação genética em pelo menos um período de seleção na população BSSS, conforme indicado pelo teste de Waples (1989).

LOCUS (RFLPs)	LPs) Período		
	Todos 14 ciclos de seleção	🏒 ciclos de meios-imãos	∑ ciclos com progênies S₂
ASG008	**	NS	NS
ASG024	**	*	*
ASG045	***	NS	***
ASG062	**	**	*
BNL05.10	NS	NS	**
BNL05.14A	***	***	NS
BNL05.47	NS	NS	*
BNL06.32	**	NS	NS
BNL07.26	*	NS	NS
BNL07.49	NS	NS	***
	**	*	*
BNL07.71			**
BNL08.33	NS	NS	***
BNL09.11	NS	NS	***
Tabela 1. (continuação)			
LOCUS (RFLPs)		Período	
*********************************	Todos 14 ciclos de seleção	∑ ciclos de meios-imãos	₹ ciclos com progênies S2
BNL09.44	***	**	NS
BNL12.09	***	NS	NS
BNL13.05A	**	**	NS
BNL13.05B	*	*	NS
	*		
BNL15.07	*	NS	NS
CSU147		NS	NS ***
PHI10016	NS	NS **	
UMC005	**		NS
UMC007	*	NS	NS
UMC021	**	NS	*
UMC027	NS	NS	***
UMC030	***	***	*
UMC034	NS	NS	***
UMC036	NS	NS	***
UMC054	NS	*	NS
UMC055A	*	NS	NS
UMC060	***	NS	***
UMC062	*	**	NS
UMC076	*	NS	NS
UMC080	NS	NS	**
UMC081	*	NS	*
UMC089	**	NS	*
UMC108	**	*	NS
UMC110	***	NS	NS
UMC113	*	NS	NS
UMC121	NS	NS	***
UMC128	**	*	NS
UMC131	NS	NS	NS
UMC137	*	NS	***
UMC147	*	NS	*
UMC158A	NS	NS	***
UMC158B	*	*	NS
<u> </u>			149

<sup>\*,\*\*,\*\*\*</sup> Significantes ao nível de 0.05, 0.01, e 0.001de probabilidade, respectivamente. NS: não significante

### 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 Sci. 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. 1999. Temporal changes in allele frequencies in two reciprocally selected maize populations. Theor. Appl. Genet. 99: 1166-1178.
- Revilla, P., M.L. Vales, R.A. Malvar, e 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. 1990. SAS/IML user's guide. Release 6.03 edition. SAS Institute Inc., Cary, North Carolina.
- Stuber, C.W. eR.H Moll. 1972. Frequency changes of isozymes alleles in a selection experiment for grain yield in maize ( *Zea mays L.*). Crop Sci. 12: 337-340.
- Waples, R.S. 1989. Temporal variation in allele frequencies: testing the right hypothesis. Evolution 43: 1236-1251

\_\_\_\_\_

XXIV Congresso Nacional de Milho e Sorgo - 01 a 05 de setembro de 2002 - Florianópolis - SC

\_\_\_\_\_