

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Mapeamento de QTL em testecrosses de milho doce com diferentes
testadores e ambientes**

Vitor Hugo Barbosa Barbieri

**Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento
de Plantas**

**Piracicaba
2010**

**Vitor Hugo Barbosa Barbieri
Engenheiro Agrônomo**

**Mapeamento de QTL em testecrosses de milho doce com diferentes
testadores e ambientes**

**Orientador:
Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR**

**Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento
de Plantas**

**Piracicaba
2010**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Barbieri, Vitor Hugo Barbosa

Mapeamento de QTL em testecrosses de milho doce com diferentes testadores e ambientes / Vitor Hugo Barbosa Barbieri. - - Piracicaba, 2010.
129 p. il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2010.

1. Mapeamento genético 2. Marcador molecular 3. Milho - Qualidade 4. Produtividade
I. Título

CDD 633.15
B236m

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Aos meus pais José Clóvis e Alba Maria, ao meu amor Flavinha e ao meu querido filho Henrique que ainda não nasceu, mas já enche a minha vida de alegria.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Universidade de São Paulo por meio do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, pelo suporte acadêmico;

A Syngenta Seeds pelo suporte financeiro e por me permitir realizar este trabalho;

Ao professor Dr. Cláudio Lopez de Souza Júnior, pela confiança, orientação e respeito;

Aos professores e funcionários do Departamento de Genética pela contribuição à minha formação.

Ao colega Luiz Savelli Gomes por ser o primeiro a me incentivar a ingressar no doutorado e ter transmitido meus primeiros conhecimentos sobre melhoramento de plantas;

Ao colega Dr. Jair Duarte por sempre ter me incentivado a cursar o doutorado em uma boa escola;

Ao colega Dr. Mateus Santos pelas excelentes discussões sobre genética e pela ajuda com a análise dos dados e correções da tese;

Ao pesquisador Doug Plaisted por ter criado condições para que eu pudesse fazer o doutorado trabalhando pela Syngenta Seeds;

Ao pesquisador Gabe Gusmine por ter me garantido tempo na Syngenta para que eu pudesse me dedicar à redação da tese;

Aos funcionários da Syngenta Seeds, Francisco Silva, Michael e Ramon pela ajuda na condução dos experimentos de campo e avaliações;

Aos colegas da pós-graduação e do laboratório de melhoramento de milho pelo apoio, amizade e conhecimentos compartilhados: Alexandre Morais; Diego Velazquez; Eder Santos; Emiliano Costa; Gustavo Moro; Manoel Gonçalves; Mateus Santos; Maria Santos; Pedro Belicuas; Pedro Mendoza; Roberto Neto; Ruben Díaz; Sanzio Barrios; Tassiano Câmara.

A Deus pelo dom da vida;

Aos meus pais, especialmente minha mãe pelo incentivo e amor incondicional;

A minha esposa Flavinha, companheira de todos os momentos, pelo apoio, amor, carinho, compreensão e por ser sempre a minha maior inspiração para seguir em frente.

Muito obrigado.

SUMÁRIO

RESUMO.....	09
ABSTRACT.....	11
1 INTRODUÇÃO.....	13
Referências.....	19
2 MAPEAMENTO DE QTL PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS E SEUS COMPONENTES EM TESTECROSSES DE MILHO DOCE.....	23
Resumo.....	23
Abstract.....	25
2.1 Introdução.....	27
2.2 Desenvolvimento.....	31
2.2.1 Material e Métodos.....	31
2.2.1.1 Material genético.....	31
2.2.1.2 Locais, delineamento e caracteres avaliados.....	32
2.2.1.3 Análises de variância e covariância.....	33
2.2.1.4 Genotipagem e mapa genético.....	34
2.2.1.5 Mapeamento de QTL.....	35
2.2.2 Resultados e Discussão.....	38
2.2.2.1 Mapeamento de QTL para produção de grãos.....	47
2.2.2.2 Mapeamento de QTL para os componentes de produção.....	52
2.2.2.3 Interação QTL x ambiente.....	63
2.2.2.4 Coincidência de QTL mapeados entre caracteres.....	64
2.2.2.5 Implicações para o melhoramento.....	67
Referências.....	73
3 MAPEAMENTO DE QTL PARA QUALIDADE DE GRÃOS EM TESTECROSSES DE MILHO DOCE.....	81
Resumo.....	81
Abstract.....	83
3.1 Introdução.....	85
3.2 Desenvolvimento.....	89

3.2.1 Material e Métodos.....	89
3.2.1.1 Material genético.....	89
3.2.1.2 Locais, delineamento e caracteres avaliados.....	90
3.2.1.3 Análises de variância e covariância.....	91
3.2.1.4 Genotipagem e mapa genético.....	92
3.2.1.5 Mapeamento de QTL.....	93
3.2.2 Resultados e Discussão.....	96
3.2.2.1 Mapeamento de QTL.....	103
3.2.2.2 Interação QTL x ambiente.....	114
3.2.2.3 Coincidência de QTL mapeados entre caracteres.....	115
3.2.2.4 Considerações finais.....	116
Referências.....	121
ANEXO.....	127

RESUMO

Mapeamento de QTL em testecrosses de milho doce com diferentes testadores e ambientes

Um dos principais desafios do melhoramento de milho doce é aumentar a eficiência da seleção para produtividade e qualidade dos grãos. Uma das formas de aumentar essa eficiência é a utilização de marcadores moleculares para auxiliar a seleção nos programas de melhoramento. Para isso, o estudo da herança por meio do mapeamento de QTL é uma ferramenta importante para o conhecimento da base genética dos caracteres e para gerar informações que possam ser utilizadas na seleção assistida por marcadores moleculares. O presente estudo teve como objetivo mapear QTL em testecrosses de milho doce para produção de grãos, seus componentes e caracteres de qualidade, e avaliar o efeito de diferentes testadores e ambientes no mapeamento de QTL. Para tanto, foi utilizada uma população obtida do cruzamento entre as linhagens B532 e B605 do mesmo grupo heterótico e contrastantes para diversos caracteres. Duzentas e cinquenta e seis progênies $F_{4:5}$ foram genotipadas com marcadores moleculares SNP para a construção do mapa genético. Posteriormente, essas progênies foram cruzadas com os testadores A36 e A17 de um grupo heterótico distinto do grupo da população. Os testecrosses obtidos foram avaliados em dois ambientes, Uberlândia, MG, e Itatiba, SP, em látices simples 16 x 16. Os caracteres avaliados foram produção de grãos (PG), número de fileiras de grãos (NF), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), comprimento de grãos (CG), coloração de grãos (CL), maciez de grãos (MC) e doçura de grãos (DÇ). O método de mapeamento por intervalo composto expandido para múltiplos ambientes (mCIM) foi utilizado para mapear QTL e detectar a interação QTL x ambiente. Foram mapeados 116 QTL, sendo 21 para PG, 17 para NF, 22 para CE, 14 para DE, 12 para CG, 11 para CL, 11 para MC e 8 para DÇ. Com exceção de 2 QTL para NF que explicaram 12,19% e 10,03% e de 1 QTL para CE que explicou 10,48%, todos os outros explicaram menos de 10% da variância fenotípica. Considerando todos os caracteres, 91% dos QTL mapeados foram específicos para cada testador, evidenciando uma elevada interação QTL x testador. Dos 116 QTL mapeados apenas 22 apresentaram interação QTL x ambiente, indicando que houve baixa interação QTL x ambiente. Dessa forma, a maioria dos caracteres de importância econômica em milho doce foi controlada por muitos QTL de baixos efeitos na variação fenotípica, os quais apresentaram uma elevada interação QTL x testador e uma reduzida interação QTL x ambiente. O elevado número de QTL controlando os caracteres e a elevada interação QTL x testador mostram a complexidade da aplicação da seleção assistida no melhoramento de milho doce.

Palavras-chave: *Zea mays*; Mapeamento; Marcadores; Produção; Componentes; Qualidade; Sensorial

Gracias por visitar este Libro Electrónico

Puedes leer la versión completa de este libro electrónico en diferentes formatos:

- HTML(Gratis / Disponible a todos los usuarios)
- PDF / TXT(Disponible a miembros V.I.P. Los miembros con una membresía básica pueden acceder hasta 5 libros electrónicos en formato PDF/TXT durante el mes.)
- Epub y Mobipocket (Exclusivos para miembros V.I.P.)

Para descargar este libro completo, tan solo seleccione el formato deseado, abajo:

