

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

**Mapeamento de QTLs de caracteres relacionados à tolerância ao estresse
hídrico em milho tropical**

Tassiano Maxwell Marinho Câmara

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

**Piracicaba
2006**

Tassiano Maxwell Marinho Câmara
Engenheiro Agrônomo

Mapeamento de QTLs de caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico em milho tropical

Orientador:
Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

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

Piracicaba
2006

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

Câmara, Tassiano Maxwell Marinho

Mapeamento de QTLs de caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico em milho tropical / Tassiano Maxwell Marinho Câmara. - - Piracicaba, 2006.
177 p.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2006.
Bibliografia.

1. Estresse hídrico 2. Grão – Produção 3. Mapeamento genético 4. Melhoramento genético vegetal 5. Milho I. Título

CDD 633.15

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

Dedicatória

Este trabalho é dedicado a
José de Oliveira Câmara e Maria da Natividade Marinho Câmara

Agradecimentos

A Deus por tudo;

Ao CNPq, pela concessão da bolsa;

Ao Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, pelo suporte acadêmico e financeiro;

Ao professor Dr. Cláudio Lopes de Souza Jr., pelos ensinamentos e comprometimento com o presente trabalho, pelo exemplo profissional e pela amizade;

A meus pais, José de Oliveira Câmara e Maria da Natividade Marinho Câmara, pelo amor, exemplo de luta, pelas orações e pelo apoio financeiro e emocional e a meus irmãos, Cláudio Alysson Marinho Câmara, Marciano Marinho Câmara, Maykel Samuel Marinho Câmara e José de Oliveira Câmara Júnior, eles que sempre acreditaram em mim e me deram força;

A Giovana Viviani, pela ajuda na confecção da tese, pelo carinho e companheirismo;

Aos professores da ESALQ, Cláudio Lopes de Souza Jr., José Branco de Miranda Filho, Roland Vencovsky, Antônio Augusto Franco Garcia, Margarida Lopes R. de Aguiar Percin, Natal Antônio Vello, Marcio de Castro Silva Filho, Elizabeth Ann Veasey, Giancarlo Conde Xavier Oliveira, Luis Eduardo Aranha Camargo e Décio Barbin, pela formação acadêmica;

Aos colegas de laboratório Dyeme A. V. Bento, Emiliano F. Nassau, Geovani F. Alves, Gustavo V. Moro, José Ubirajara V. Moreira, Luciana A. Carlini Garcia, Mateus Figueiredo Santos, Milena de Luna Alves Lima, Pedro Radi Belicuas, Sanzio Carvalho Lima Barrios e Sydney Netto Parentoni, pelo auxílio nos trabalhos de campo e laboratório e pela amizade sincera;

Aos funcionários do Departamento de Genética, em especial a Ariberto Soares de Oliveira, pela competência e exemplo de comprometimento e amor pelo trabalho;

Aos amigos que contribuíram para o manuscrito desta com sugestões, pelo apoio nas horas difíceis e pelo companheirismo, em especial aos (as) colegas Ana Lúcia Bonna, Carolina Viana Morgante, Eder Jorge de Oliveira, Francisco José Correia Farias, Juliano Gomes Pádua, Karem Guimarães Xavier Meireles e Sybelle Barreira.

A Apodi - RN, e a seus filhos, Jair, Elson, Ronaldo, Ecílio, Zé, Moisés, Egilson, Sandro, Maroni, entre tantos outros. Minhas origens foram, são e serão minhas forças para suplantar todos os obstáculos.

Enfim, a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para o sucesso de minha estada em Piracicaba. Devo tudo isso a vocês, obrigado.

SUMÁRIO

RESUMO	8
ABSTRACT	9
1 INTRODUÇÃO.....	10
2 DESENVOLVIMENTO.....	13
2.1 Revisão Bibliográfica	13
2.1.1 Melhoramento genético de milho visando tolerância ao estresse hídrico	13
2.1.2 Caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico em milho.....	16
2.1.2.1 Prolifricidade	16
2.1.2.2 Intervalo entre florescimentos	19
2.1.2.3 Número de ramificações do pendão	22
2.1.2.4 Stay-green.....	26
2.1.3 Mapeamento de QTLs para produção de grãos e para caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico	30
2.1.3.1 Produção de grãos e prolifricidade	30
2.1.3.2 Caracteres relacionados ao florescimento	35
2.1.3.3 Número de ramificações do pendão	39
2.1.3.4 Stay-green.....	41
2.1.4 Consistência no mapeamento de QTLs	43
2.2 Material e Métodos.....	48
2.2.1 Material.....	48
2.2.2 Extração, amplificação e genotipagem do DNA	48
2.2.3 Mapa genético.....	49
2.2.4 Ambientes de avaliação e delineamento experimental.....	50
2.2.5 Caracteres avaliados	51
2.2.6 Análises de variâncias	52
2.2.7 Estimativas de parâmetros genéticos.....	53
2.2.7.1 Estimativas de variâncias e coeficiente de herdabilidade.....	53
2.2.7.2 Estimativas de covariâncias e correlações.....	55
2.2.8 Mapeamento de QTLs	56
2.2.9 Análise da interação QTL x ambientes.....	60

2.2.10 Obtenção do limite crítico ou “threshold”	61
2.2.11 Proporção da variação explicada pelos QTLs	62
2.2.12 Grau de dominância e identificação da origem dos alelos	63
2.2.13 Coincidência de QTLs mapeados entre os caracteres	64
2.3 Resultados e Discussão.....	66
2.3.1 Mapa genético.....	66
2.3.2 Análises de variâncias	67
2.3.3 Estimativas de parâmetros genéticos.....	68
2.3.3.1 Estimativas de variâncias	68
2.3.3.2 Estimativas de herdabilidades	70
2.3.3.3 Coeficientes de correlações	72
2.3.4 Mapeamento de QTLs	75
2.3.4.1 Mapeamento de QTLs para produção de grãos.....	75
2.3.4.2 Mapeamento de QTLs para prolificidade.....	80
2.3.4.3 Mapeamento de QTLs para florescimento	83
2.3.4.4 Mapeamento de QTLs para número de ramificações do pendão	89
2.3.4.5 Mapeamento de QTLs para stay-green.....	92
2.3.4.6 Coincidência de QTLs mapeados para os diferentes caracteres.....	95
2.3.4.7 Concordância de QTLs mapeados em diferentes populações	99
2.3.5 Considerações gerais	103
3 CONCLUSÕES	109
REFERÊNCIAS	110
ANEXOS.....	133

RESUMO

Mapeamento de QTLs de caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico em milho tropical

Caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico e correlacionados à produção de grãos têm sido considerados em programas de melhoramento de milho em função dos insucessos obtidos na seleção direta para produção de grãos sob estresse hídrico. O objetivo deste trabalho foi mapear QTLs de caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico, estimar seus efeitos genéticos, e estudar a interação QTL por ambientes em duas populações de milho tropical. Duzentas e cinquenta e seis progênies $F_{2:3}$ de cada uma das duas populações, denominadas posteriormente U e D, foram avaliadas no delineamento em látice simples 16 x 16 em nove ou sete ambientes. As parcelas foram uma fileira de 4,0 m de comprimento, espaçadas entre si por 0,8 m, e 0,2 m entre plantas (62.500 plantas ha^{-1}). Os caracteres avaliados foram produção de grãos com 15% de umidade dos grãos (PG), prolificidade (PROL), florescimento feminino (FF), florescimento masculino (FM), intervalo entre florescimentos (IF), número de ramificações do pendão (NRP) e stay-green (SG). Para o mapeamento de QTLs foi utilizado o mapeamento por intervalo composto expandido para múltiplos ambientes. Em ambas populações foi detectada variância genética para todos os caracteres. Produção de grãos apresentou correlação genética significativa nas populações D e U com PROL (0,88 e 0,79), e FF (-0,44 e -0,76); PG também foi geneticamente correlacionado com FM (-0,74) na população U, e com SG (-0,50) na população D. Vinte e quatro, 19, 16, 14, 15, 12 e 20 QTLs foram mapeados na população D, e 17, 22, 34, 28, 17, 26 e 33 QTLs foram mapeados na população U para PG, PROL, IF, FF, FM, NRP e SG, respectivamente. Os QTLs foram distribuídos por todos os 10 cromossomos, mas um menor número de QTLs foi mapeado nos cromossomos 6, 7, 9 e 10 em ambas populações. QTLs para diferentes caracteres foram mapeados em posições coincidentes para várias regiões genômicas em ambas populações. Cerca de 90% dos QTLs mapeados apresentaram pequenos efeitos genéticos, cada um explicando menos de 5% da variância fenotípica dos caracteres. A variância fenotípica total explicada pelos QTLs variou de 32,17% (FF) a 64,55% (FM) na população D, e de 41,70% (PG) a 69,30% (IF) na população U. O grau médio de dominância variou de dominância parcial a sobredominância na população D, enquanto na população U a sobredominância foi o grau médio de dominância para a maioria dos caracteres. Para todos os caracteres a maioria dos QTLs interagiu significativamente com os ambientes em ambas populações. Os QTLs com efeitos mais pronunciados foram, em geral, mais estáveis entre ambientes. Esses QTLs estáveis foram previamente relatados em outras populações sugerindo que eles também poderiam ser mais estáveis entre germoplasmas. QTLs estáveis poderiam ser úteis em estratégias de seleção assistida por marcadores para desenvolver híbridos de milho com alta produtividade e com baixa redução na produção de grãos sob estresse hídrico.

Palavras-chave: QTLs; milho; estresse hídrico; stay-green; intervalo entre florescimentos; produção de grãos

ABSTRACT

Mapping QTLs of traits related to moisture stress tolerance in tropical maize

Traits related to moisture stress tolerance and correlated to grain yield have been considered in maize breeding programs because direct selection for grain yield under moisture stress has been unsuccessful. The objectives of this paper were to map QTLs of traits related to moisture stress tolerance, to estimate their genetic effects, and to study the QTL by environment interaction in two tropical maize populations. Two hundred and fifty-six $F_{2:3}$ progenies from each of the two populations, thereafter named U and D, were evaluated in 16 x 16 simple lattice designs at nine or seven environments. Plots were one row 4.0 m long, 0.8 m spaced apart, and 0.20 m between plants (62,500 plants ha⁻¹). The traits were recorded on grain yield at 15% grain moisture (GY), prolificacy (PRO), days to silk extrusion (SD), days to anthesis (AD), anthesis-silking interval (ASI), number of tassel branches (TB), and stay-green (SG). The composite interval mapping extended to multiple environments was used to map QTLs. Significant genetic variances were detected for all traits in both populations. Grain yield showed significant genetic correlations in populations D and U with PRO (0.88 and 0.79), and SD (-0.44 and -0.76); GY was also genetically correlated with SD (-0.74) in population U, and with SG (-0.50) in population D. Twenty-four, 19, 16, 14, 15, 12, and 20 QTLs were mapped in population D, and 17, 22, 34, 28, 17, 26, and 33 QTLs were mapped in population U for GY, PRO, ASI, SD, AD, TB, and SG, respectively. The QTLs were distributed along the 10 chromosomes, but a lower number of QTLs was mapped in both populations in chromosomes 6, 7, 9, and 10. QTLs for different traits were mapped in the same positions for several genomic regions in both populations. About 90% of the QTLs mapped presented lower genetic effects, each explaining less than 5% of the phenotypic variance of the traits. The total phenotypic variance explained by the QTLs ranged from 32.17% (SD) to 64.55% (AD) in population D, and from 41.70% (GY) to 69.30% (ASI) in population U. The average level of dominance ranged from partial dominance to overdominance in population D, but in population U overdominance was the average level of dominance for most of the traits. For all traits most of the QTLs interacted significantly with environments in both populations. The QTLs with larger effects were, in general, more stable across environments. These stable QTLs were previously reported in other populations suggesting that they could also be more stable across germplasms. Stable QTLs could be useful in marker-assisted selection strategies to develop high yielding maize hybrids with low grain yield decrease under moisture stress.

Key-words: QTLs, maize, moisture stress, stay-green, anthesis-silking interval, grain yield.

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:

