

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

Mapeamento de QTLs para produção de grãos e seus componentes em uma população de milho tropical

Dyeme Antonio Vieira Bento

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

Piracicaba

2006

Dyeme Antonio Vieira Bento
Engenheiro Agrônomo

Mapeamento de QTLs para produção de grãos e seus componentes em uma população de 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**

Bento, Dyeme Antonio Vieira

Mapeamento de QTLs para produção de grãos e seus componentes em uma população de milho tropical / Dyeme Antonio Vieira Bento. - - Piracicaba, 2006.
133 p.

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

1. Grãos 2. Mapeamento genético 3. Marcador molecular 4. Melhoramento genético vegetal 5. Milho 6. Variação genética em plantas 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
Renato Bento, Maria Teresa Vieira Bento e Sílvia Regina Silva de Oliveira.

Agradecimentos

A Deus e à Sua Mãe;

Ao CNPq, pelo apoio e pelos recursos financeiros investidos durante o período de Doutorado;

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

Ao professor Dr. Cláudio Lopes de Souza Jr., pela orientação dedicada, competente e paciente, e pelo exemplo de compromisso com a ciência;

A meus pais, Renato Bento e Maria Teresa Vieira Bento, meus irmãos Renata Michele Bento Alves e Aender Fernando Vieira Bento, meu cunhado Cidclay Alves e minhas sobrinhas Rafaela e Fernanda, que deram-me todo apoio possível para a conclusão deste curso, e por tudo o que fizeram ao longo de toda a minha formação acadêmica;

Aos colegas e amigos das repúblicas em Piracicaba, Rock Seille Carlos Christiano, Jonas Jacob Chiaradia, André Tomazella, Alessandro Riffel, Simão Lindoso de Sousa e Paulo de Tarso de Oliveira Ferreira, pela amizade e ajuda em todas as situações dentro e fora da Universidade;

Aos colegas de laboratório, Adelmo Resende da Silva, Aurélio Mendes Aguiar, Emiliano Nassau, Geovani Ferreira Alves, Gustavo Vitti Moro, José Ubirajara Vieira Moreira, Luciana Aparecida Carlini Garcia, Mateus Figueiredo Santos, Milena de Luna Alves Lima, Pedro Radi Belicuas, Sydnei Netto Parentoni e Tassiano Maxwell Marinho Câmara, pela amizade, auxílio nos trabalhos, e pela convivência sadia durante o curso;

Aos funcionários do Departamento de Genética, em especial a Ariberto Soares de Oliveira, pela amizade sincera, competência e compromisso com o trabalho;

Aos amigos Antônio Augusto Franco Garcia e Luciana Aparecida Carlini Garcia, Éder Jorge de Oliveira, Francisco José Correia Farias, Raimundo Nonato Vieira da Cunha, Alessandro Riffel, Simão Lindoso de Sousa e Vanderlei da Silva Santos, pela forte amizade construída e fortalecida ao longo dos últimos quatro anos;

Ao Pernetá Futebol Clube, instrumento de formação de amizades e união dos estudantes, responsável por um aprendizado valioso sobre a convivência em grupo. Agradeço aos atletas Ademir Sérgio, Adriano Pereira de Castro, Alejandro Alberto Toro, Alfredo “Bielsa”,

Alessandro Riffel, Alexandre Missiagia, Américo José dos Santos Reis, Ebert Pepe Obando Flor, Esteban Roberto González, Fernando Ninamango Cárdenas, Francisco José Correia Farias, Mateus Figueiredo Santos, Mateus Mondin, Oriel Lemos, Raimundo Nonato Vieira da Cunha, Rudimar Conte e Tassiano Maxwell Marinho Câmara por toda a dedicação na criação e desenvolvimento do Glorioso PFC;

Ao Tabajara Futebol Clube e a todos os amigos que fiz neste grande time, exemplo de uma organização que se transformou em grandes vitórias. Agradeço por terem me colocado entre vocês, espero que continuem unidos e que vençam sempre.

Enfim, e mais especialmente, agradeço a Sílvia Regina Silva de Oliveira e ao pequeno Eduardo, que tudo fizeram e em tudo contribuíram para o sucesso deste trabalho. Espero que possa de alguma forma retribuir o que fizeram durante os últimos anos, que mostraram novamente que na verdade o que eu tenho é muita sorte – “sorte até demais”. Espero que seja assim sempre. Obrigado.

SUMÁRIO

RESUMO.....	8
ABSTRACT.....	9
LISTA DE FIGURAS.....	10
LISTA DE TABELAS.....	11
1 INTRODUÇÃO.....	15
2 DESENVOLVIMENTO.....	18
2.1 Revisão Bibliográfica.....	18
2.1.1 Produção de grãos e seus componentes em milho.....	18
2.1.2 Marcadores moleculares.....	23
2.1.3 Mapeamento de QTLs em milho.....	25
2.1.4 Mapeamento de QTLs para produção de grãos e seus componentes em milho.....	31
2.1.5 Interação QTLs x ambientes.....	35
2.1.6 Seleção assistida por marcadores em milho.....	36
2.2 Material e Métodos.....	42
2.2.1 Material genético.....	42
2.2.2 Extração e amplificação do DNA.....	42
2.2.3 Genotipagem.....	43
2.2.4 Mapa genético.....	43
2.2.5 Delineamento.....	44
2.2.6 Ambientes.....	45
2.2.7 Caracteres.....	45
2.2.8 Análises de variâncias.....	47
2.2.9 Estimativas dos parâmetros genéticos.....	47
2.2.10 Análises de covariâncias e correlações entre caracteres.....	49
2.2.11 Mapeamento de QTLs.....	51
2.2.12 Análise da interação QTLs x ambientes.....	54
2.2.13 Obtenção do limite crítico ou “threshold”.....	55
2.2.14 Proporção da variação explicada pelos QTLs.....	56
2.2.15 Grau de dominância.....	57
2.2.16 Concordância de QTLs mapeados para diferentes caracteres.....	58

	7
2.3 Resultados e Discussão.....	60
2.3.1 Mapa genético.....	60
2.3.2 Análises de variâncias.....	61
2.3.3 Parâmetros genéticos.....	64
2.3.4 Correlações entre caracteres.....	65
2.3.5 Mapeamento de QTLs.....	68
2.3.6 Comparações entre os QTLs mapeados e os reportados na literatura.....	75
2.3.7 Análise das posições coincidentes de QTLs mapeados para diferentes caracteres.....	78
2.3.8 Interação QTLs x ambientes.....	82
2.3.9 Mapeamento de QTLs e melhoramento.....	85
2.3.10 Considerações gerais.....	87
3 CONCLUSÕES.....	91
REFERÊNCIAS.....	93
ANEXOS.....	107

RESUMO

Mapeamento de QTLs para produção de grãos e seus componentes em uma população de milho tropical

A produção de grãos e seus componentes em milho são caracteres controlados por muitos genes, possuindo elevado efeito da interação genótipos x ambientes. Até recentemente, esses caracteres foram estudados utilizando-se modelos estatístico-genéticos baseados no somatório dos efeitos dos locos segregantes nas populações. Com o advento dos marcadores moleculares, desenvolveram-se novos modelos estatístico-genéticos, e mapas genéticos saturados foram construídos possibilitando o mapeamento dos locos (QTLs) que controlam tais caracteres. Assim, o número, posições no genoma e efeitos genéticos de QTLs individuais foram estimados. A maioria dos estudos reportados sobre mapeamento de QTLs em milho utiliza germoplasma temperado, e poucos estudos relatam ocorrência de QTLs possuindo interação com ambientes. Os objetivos deste trabalho foram o mapeamento de QTLs para produção de grãos e seus componentes, avaliando-se o efeito da interação QTLs x ambientes (QTL x E) e evidências de pleiotropia ou ligação gênica entre caracteres, em uma população de milho tropical. Foram utilizadas 256 progênies F_{2:3} avaliadas em diversos ambientes, sendo o mapa genético construído com 139 marcadores microssatélites (SSRs) e o mapeamento de QTLs e o teste da interação QTLs x ambientes realizados empregando-se o mapeamento por intervalo composto expandido para múltiplos ambientes (mCIM). Os caracteres utilizados foram produção de grãos (PG) e prolificidade (Prol), avaliados em nove ambientes, e peso de 500 grãos (P500), comprimento (CE) e diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), profundidade de grão (Prof), número de fileiras (NFil) e de grãos por fileira (NGFil), avaliados em sete ambientes. Foram mapeados 24, 19, 17, 18, 17, 14, 16, 14 e 15 QTLs para PG, Prol, P500, CE, DE, DS, Prof, NFil e NGFil, respectivamente. Os QTLs distribuíram-se irregularmente nos cromossomos, não ocorrendo regiões de concentração de QTLs para nenhum caráter. O grau médio de dominância foi de dominância parcial para PG e P500, dominância completa para Prol, DE e NGFil e sobredominância para CE, DS, Prof e NFil, enquanto os graus de dominância dos QTLs individuais variaram de aditividade a sobredominância. Na maior parte dos QTLs mapeados para todos os caracteres foi constatada interação QTLs x ambientes, que ocorreu para todos os QTLs mapeados para PG. A proporção da variância genética explicada pelos QTLs foi de 53,83% para PG, variando de 28,55% para DS a 69,42% para DE. Os QTLs explicaram apenas parte da variância genética dos caracteres devido à ocorrência de regiões genômicas isentas de marcadores e também ao método mCIM, que admite apenas um QTL por intervalo. Os números de QTLs mapeados para todos os caracteres foram os maiores dentre os relatados na literatura tanto em germoplasma temperado quanto tropical, com poucas exceções. Foram constatadas 44 regiões genômicas contendo QTLs para diferentes caracteres, representando evidência de ligação gênica ou efeito pleiotrópico em seu controle genético. O reduzido número de QTLs estáveis entre os ambientes para todos os caracteres implica desafio adicional para a seleção assistida por marcadores em áreas de clima tropical, a menos que programas de melhoramento sejam direcionados para regiões específicas.

Palavras-chave: Grãos; Mapeamento genético; Marcador molecular; Melhoramento genético vegetal; Milho; Variação genética em plantas

ABSTRACT

Mapping QTLs for grain yield and its components in a tropical maize population

Grain yield and its components in maize are controlled by many loci and present high interaction with environments. Until recently inheritance studies of these traits used statistical-genetic models based on the net effects of the segregating loci in the populations. With the advent of molecular markers and new statistical-genetic models, well-saturated genetic maps could be developed allowing the mapping of the loci (QTLs) that control these traits. Thus, the number of loci, their genomic position, and the genetic effects of individual QTLs could be estimated. The majority of reported QTL mapping studies in maize is from temperate germplasm, and few of them reported the number of QTL that interacted with environments. The objectives of this research were to map QTLs for grain yield and its components, to evaluate QTL by environment interaction (QTL x E) and the evidence of linked QTLs or pleiotropic effects of some QTLs in a tropical maize population. Two-hundred and fifty-six $F_{2:3}$ progenies evaluated in several environments, a genetic map with 139 microsatellite markers (SSRs), and the multiple-environment composite interval mapping analysis (mCIM) were used to map QTL, and to test QTL x E interaction. The traits analyzed were grain yield (GY) and prolificacy (Prol) evaluated in nine environments, and 500 kernels weight (W500), ear length (EL), ear diameter (ED), cob diameter (CD), kernel depth (KD), row number per ear (RN) and kernels per row number (KRN) evaluated in seven environments. Twenty-four, 19, 17, 18, 17, 14, 16, 14, and 15 QTLs were mapped for GY, Prol, W500, EL, ED, CD, KD, RN and KRN, respectively. These QTLs were not evenly distributed along the chromosomes, although there were not genomic regions with high concentration of QTLs for all traits. The average levels of dominance were partial dominance for GY and W500, complete dominance for Prol, ED and KRN, and overdominance for EL, CD, KD and RN, although for all traits the levels of dominance of the individual QTLs ranged from additive to overdominance. Most of the QTLs for all traits interacted significantly with environments; for grain yield all QTLs interacted with environments. The proportion of the genetic variance explained by all QTLs was 53.83% for GY, and for its components they ranged from 28.55% for CD to 69.42% for ED. The mapped QTLs accounted for only part of the genetic variance because there are some chromosome regions with few markers and because the mCIM method allows mapping just one QTL per interval. The number of QTLs mapped for all traits evaluated was higher than those reported for temperate and for tropical germplasm, with few exceptions. Forty-four genomic regions had QTLs mapped for different traits evidencing the presence of linked QTLs or pleiotropic effects of some QTLs affecting different traits. The low number of stable QTLs across environments for all traits imposes additional challenges for marker-assisted selection in tropical areas, unless the breeding programs could be directed towards specific target areas.

Key words: Grains; Genetic mapping; Molecular marker; Plant breeding; Maize; Genetic variability in plants

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:

