

Universität Hohenheim

Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und
Populationsgenetik
Lehrstuhl für Angewandte Genetik und Pflanzenzüchtung

Prof. Dr. A.E. Melchinger

Genetic distance within and between seven tropical late white maize populations and relation between the genetic distance between the populations and the heterosis of the population crosses

Diplomarbeit

von

Jochen Christoph Reif
Stuttgart 2001

Diese Arbeit wurde gefördert
aus Mitteln der Eiselen-Stiftung, Ulm

5 SUMMARY

Heterotic groups and patterns are of fundamental importance in hybrid breeding. When a large number of germplasm exists but no established heterotic groups are available, SSRs provide a powerful tool for identifying groups of genetically similar germplasm. The objectives of this study were (i) to assess the genetic distance within and between 7 white populations from CIMMYT's maize program, (ii) to examine the relationship between heterosis and genetic diversity by combining marker data with field data from a diallel cross, and to consider (iii) the possibilities to predict heterosis from molecular marker data.

The parents and their diallel crosses were evaluated for panmictic midparent heterosis (PMPH) for grain yield, days to silking, and plant height. Modified Roger's distance (MRD) between and within parental populations were calculated from 85 SSR markers. Cluster analysis and principle coordinate analysis resulted in a clear separation of the populations and agreed well with pedigree information. It was possible to suggest an assignment of populations to existing heterotic groups and to identify new heterotic groups. Correlation for PMPH and MRD² distance was positive for grain yield ($r = 0.60$). Genetic distance could be used as one criterion for the choice of heterotic groups and patterns. These applications are of direct use in the management of germplasm banks as well as in breeding programs.

6 ZUSAMMENFASSUNG

Heterotische Gruppen sind in der Hybridzüchtung von großer Bedeutung. Falls eine hohe Zahl an Zuchtpopulationen zur Verfügung steht und keine heterotischen Gruppen etabliert sind, können DNA-Marker eingesetzt werden, um genetisch ähnliches Zuchtmaterial zu gruppieren. Die Ziele der Studie waren, (i) die genetische Distanz zwischen und innerhalb 7 weißer Populationen von CIMMYTs Maisprogramm zu bestimmen, (ii) die Beziehung zwischen genetischer Distanz und der Heterosis zu untersuchen, und (iii) die Möglichkeit einer Vorhersage der Heterosis mit genetischen Distanzen zu betrachten. Die Elternpopulationen und ihre Diallelkreuzungen wurden auf folgende Merkmale untersucht: Ertrag, Tage bis zur Blüte und Pflanzenhöhe. Die modifizierte Roger's Distanzen (MRD) innerhalb und zwischen den Eltern, die auf 85 SSR Marker beruhten, wurden berechnet. Cluster- und Hauptkoordinatenanalyse zeigten eine klare Trennung der Populationen. Eine Eingruppierung der Populationen in bekannte und das Identifizieren neuer heterotische Gruppen war möglich. Die Korrelation zwischen MRD^2 und Heterosis war bezüglich des Ertrages positiv. Genetische Distanzen können als Kriterium bei der Wahl der Heterotischen Gruppen genutzt werden. Die genannten Anwendungen molekularer Marker sind von direktem Nutzen für Genbanken und Zuchtprogramme.