

## Predição genômica ampla para produtividade de grãos de híbridos simples de milho utilizando modelo GBLUP.

Ewerton Lélys Resende<sup>(1)</sup>; Luiz Paulo Miranda Pires<sup>(2)</sup>; Narjara Fonseca Cantelmo<sup>(3)</sup>; Rafaela Beiral Campos Borges<sup>(4)</sup>; Márcio Balestre<sup>(5)</sup>; Renzo Garcia Von Pinho<sup>(6)</sup>.

<sup>(1)</sup> Estudante; Universidade Federal de Lavras; Lavras, Minas Gerais; elresendeagro@outlook.com; <sup>(2)</sup> Doutorando; Universidade Federal de Lavras; <sup>(3)</sup> Doutora em genética e melhoramento de plantas; Universidade Federal de Lavras; <sup>(4)</sup> Estudante; Universidade Federal de Lavras; <sup>(5)</sup> Professor; Universidade Federal de Lavras; <sup>(6)</sup> Professor; Universidade Federal de Lavras.

**RESUMO:** Objetivou-se a partir deste trabalho comparar níveis de desbalanceamentos com diferentes densidades de marcas utilizando um conjunto de marcadores Darts e o modelo GBLUP com dominância para produtividade de grãos de híbridos simples de milho avaliados em diferentes safras e locais. O material genético utilizado consistiu em 447 linhagens, que foram utilizadas nos cruzamentos para gerar os híbridos simples. 838 híbridos simples avaliados na safra de inverno do ano de 2013 em 6 locais e 797 híbridos simples avaliados na safra de verão do ano de 2013/2014 em quatro locais. Os experimentos foram conduzidos utilizando o delineamento experimental de blocos incompletos com duas repetições por local. Foi avaliada a produção de grãos dos híbridos e estes dados foram submetidos à análise utilizando modelos mistos. Foi realizada a extração de DNA. O processo de predição dos valores genéticos dos híbridos simples foi realizado pelo modelo GBLUP com inclusão de efeitos aditivos e de dominância. Os resultados deste trabalho demonstram que as acurácias preditivas podem ser elevadas ou melhoradas aumentando-se o número de locais e híbridos testados, utilizando população de treinamento adequada e levando-se em consideração a interação genótipos x ambientes para a predição. Concluiu-se que o método GBLUP foi capaz de gerar elevadas correlações entre híbridos preditos e observados, mesmo em elevados níveis de desbalanceamento e em diferentes locais e safras.

**Termos de indexação:** *Zea mays*, predição genômica ampla, marcadores moleculares.

### INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento de milho buscam híbridos com alta produtividade, geralmente, melhores aos que já existem no mercado. Contudo, atingir esse objetivo não é algo simples. Com o avanço do uso de marcas moleculares, a seleção feita para caracteres de importância econômica como a produtividade de grãos, antes realizada somente a partir de dados fenotípicos, passou a se utilizar dados moleculares.

A predição genômica tem se mostrado uma ferramenta alternativa que utiliza a informação genômica, para seleção das melhores combinações visando aumentar a eficiência dos programas de melhoramento. Ao contrário de se utilizar somente as marcas moleculares que apresentam significância para o caráter em questão, a predição genômica ampla utiliza todas as marcas simultaneamente na construção do modelo (Windhausen et al., 2012).

Entre os modelos utilizados para a GWS está o GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction), proposto por VanRaden (2008) e que vem sendo amplamente utilizado no melhoramento vegetal (Crossa et al., 2013). Contudo, a maioria dos trabalhos publicados utilizando GBLUP incluem somente efeitos aditivos (Calus, 2010). Número reduzido de pesquisas vem sendo realizado para expandir esse modelo para predizer o mérito genético levando em consideração os efeitos de dominância. Assim, mais recentemente o GBLUP, incluindo os efeitos de dominância, tem sido sugerido com a expectativa de melhorar a predição de híbridos, principalmente quando houver efeito de dominância pronunciado no caráter (Nishio; Satoh, 2014).

Neste sentido, objetivou-se a partir deste trabalho comparar níveis de desbalanceamentos com

diferentes densidades de marcas utilizando um conjunto de marcadores Darts e o modelo GBLUP com dominância para produtividade de grãos de híbridos simples de milho avaliados em diferentes safras e locais.

### MATERIAL E MÉTODOS

O material genético utilizado consistiu em 447 linhagens de diferentes *backgrounds* de várias regiões do mundo, que foram utilizadas nos cruzamentos para gerar os híbridos simples.

Do cruzamento das linhagens foram obtidos 838 híbridos simples avaliados na safra de inverno do ano de 2013 e 797 híbridos simples avaliados na safra de verão do ano de 2013/2014. Na safra de inverno, os híbridos simples de milho foram avaliados em seis locais: Primavera do Leste - MT, Sorriso - MT, Rio Verde - GO, Lucas do Rio Verde - MT, Campo Novo do Parecis - MT e Sapezal - MT localizados na região Centro-Sul do Brasil. Na safra de verão, os híbridos foram avaliados em quatro locais, sendo eles Araguari, Nova Ponte, Presidente Olegário e Uberlândia, todos localizados no estado de Minas Gerais.

Os experimentos foram conduzidos utilizando o delineamento experimental de blocos incompletos com duas repetições por local e parcela composta de quatro fileiras de 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,7 m entre fileiras.

Dados de produtividade de grãos de todos os híbridos em todos os experimentos foram submetidos à análise utilizando modelos mistos.

A extração de DNA foi realizada seguindo protocolo específico da empresa Diversity Arrays Technology (Darts, 2013).

O processo de predição dos valores genéticos dos híbridos simples avaliados nos ensaios de safra e safrinha foi realizado pelo modelo GBLUP com inclusão de efeitos aditivos e de dominância. Todo processo de análise foi executado na plataforma R (R Core Team, 2015).

O método de validação cruzada empregado foi o K-Fold. Os níveis de desbalanceamento utilizados foram 10, 20, 30 e 50%. A eficiência foi estimada pela correlação de Pearson entre os valores genéticos preditos do grupo de validação, com os valores genéticos estimados na análise considerando os grupos. Essa correlação foi utilizada como parâmetro de validação cruzada.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na predição genômica ampla, utilizando validação cruzada, a correlação entre VGGs preditos e observados na safra de inverno variou de 0,89 a 0,82, com discreta diminuição da correlação com o aumento do nível de desbalanceamento. Vale ressaltar que mesmo com o desbalanceamento de 50% ocorreu correlações sempre acima de 0,80.

As variâncias aditivas (VA) e de dominância (VD) apresentaram a mesma magnitude. Tomando-se como base os componentes de variância obtidos pelo método REML, que utiliza os dados fenotípicos, o modelo com marcadores permitiu a recuperação da variância genética total por meio das somas das variâncias aditiva e de dominância estimadas a partir do modelo GBLUP.

Como a predição foi realizada com as médias ajustadas para os efeitos fixos no método REML e essas médias foram utilizadas no GBLUP para predição, a variância residual que este modelo estima é, em sua maior parte, composta pela variância da interação genótipos por ambientes (VE), que na safra de inverno foi da ordem de 2,22 - 2,23.

O decréscimo da densidade de marcas pela metade, no conjunto de dados da safra de inverno, não influenciou a capacidade preditiva do modelo. A correlação ficou estável quando da utilização de todo o conjunto de marcas ou quando foram utilizadas somente metade delas, mesmo nos maiores níveis de desbalanceamento.

Na safra de verão, foram observadas correlações inferiores às observadas na safra de inverno, variando de 0,73 a 0,56. A menor correlação e maior variação podem ser explicadas devido ao menor conjunto de dados e maior interação genótipos por ambientes estimados pelo modelo GBLUP. Pode-se observar também maior influência do grau de desbalanceamento nas mesmas, sendo que para o maior desbalanceamento (50%) houve forte queda da capacidade preditiva, o que não ocorreu na safra de inverno.

Observou-se comportamento diferente da VD no conjunto de dados da safra de verão, que apresentou maior magnitude do que a VA. Essa superioridade demonstra a predominância dos efeitos não aditivos para o caráter produtividade nesta safra. Pode-se observar também maior interação genótipos por ambientes quando comparada à safra de inverno.

Com relação à diminuição das marcas moleculares para a realização da predição, só foi possível observar influência da mesma no desbalanceamento de 50%, que apresentou maior correlação quando da diminuição do número de marcadores. Nos outros desbalanceamentos, a correlação se manteve constante para as duas situações.

Entre as duas safras utilizadas neste estudo, 395 híbridos eram comuns aos dois ambientes. Foi realizado o ranqueamento dos genótipos de acordo com seus VGGs observados nas duas safras e foi utilizada uma intensidade de seleção e também de descarte de 20%. Verificou-se que as estimativas seriam melhores no sentido de descarte dos genótipos não promissores do que para a seleção dos híbridos superiores. Assim, no descarte dos genótipos 20% menos produtivos, ocorreu um erro de somente 11%, ou seja, somente nove genótipos superiores seriam descartados erroneamente tomando-se como base o VGG observado na safra de inverno para seleção na safra de verão.

Na análise dos componentes de variância utilizando a metodologia REML, observou-se a variância genética diferente de zero nas duas safras. Tal fato permitiu o prosseguimento das análises devido à comprovação da existência de variabilidade entre os híbridos possibilitando assim, a seleção no conjunto de dados. As herdabilidades no sentido amplo dos híbridos nas duas safras estão de acordo com as que são observadas na literatura (WINDHAUSEN et al., 2012).

A capacidade preditiva do modelo GBLUP na safra de inverno foi elevada. Resultados obtidos em outros estudos evidenciam que com o aumento do tamanho da população de treinamento proporcional à população de validação, aumenta-se também a capacidade preditiva (ASORO et al., 2011; TECHNO et al., 2013). Contudo, com esse conjunto de dados não foi possível observar tal fato. Uma explicação pode ser o alto nível de correlação já alcançado no desbalanceamento de 50%, não sendo possível o maior incremento com menores níveis de desbalanceamento (TECHOW et al., 2014).

As correlações observadas neste estudo, foram superiores às obtidas em estudos prévios utilizando BLUP, sem a utilização de marcadores para seleção genômica ampla, mas utilizando marcadores aleatórios para estimar o parentesco entre os indivíduos (BERNARDO, 1994). Este fato demonstra a aplicabilidade e superioridade do método.

Massman et al. (2013), utilizando validação cruzada, obtiveram acurácias variando de 0,75 a 0,87 para um desbalanceamento de 10%, utilizando RRBLUP e BLUP. Os resultados deste trabalho apresentaram correlações médias similares – 0,76 a 0,89 - para esse mesmo nível de perda.

Contudo, a integração da predição genômica nos programas de melhoramento comerciais ainda tem desafios pela frente, e não é tão direto e viável quanto tem sido reportado para os outros programas de melhoramento, como no

caso do melhoramento animal (JONAS; KONING, 2013; ALBRETCH et al., 2014). Os resultados deste trabalho demonstram que as acurácias preditivas podem ser elevadas ou melhoradas aumentando-se o número de locais e híbridos testados, utilizando população de treinamento adequada e levando-se em consideração a interação genótipos x ambientes para a predição. Mais estudos devem ser realizados a fim de se atestar a aplicabilidade da metodologia em diferentes safras, locais e conjunto de dados.

### CONCLUSÕES

A magnitude das correlações entre híbridos preditos e observados tanto na safra de inverno quanto na de verão foram elevadas. Da mesma forma, essas correlações entre combinações testadas em diferentes safras e locais foram elevadas.

Concluiu-se que o método GBLUP foi capaz de gerar elevadas correlações entre híbridos preditos e observados, mesmo em elevados níveis de desbalanceamento e em diferentes locais e safras.

### AGRADECIMENTOS

À CAPEs, FAPEMIG e CNPq pelas bolsas.

### REFERÊNCIAS

As referências devem ser listadas respeitando a norma NBR 6023, da ABNT, seguindo o descrito na Revista Brasileira de Milho e Sorgo. Deverão ser redigidas em fonte Arial tamanho 9, com um espaço entre cada uma. A literatura citada, incluindo trabalhos citados no texto, quadro(s) ou figura(s), deve ser inserida em ordem alfabética do sobrenome do primeiro autor, da seguinte forma:

#### a. Artigos de periódicos:

BARDUCCI, R. S.; COSTA, C.; CRUSCIOL, C. A. C.; BORGHI, É.; PUTAROV, T. C.; SARTI, L. M. N. Produção de *Brachiaria brizantha* e *Panicum maximum* com milho e adubação nitrogenada. **Archivos de Zootecnia**, Córdoba, v. 58, n. 222, p. 211-222, 2009.

#### b. Livro:

SILVA, D. J.; QUEIROZ, A. C. **Análise de alimentos: métodos químicos e biológicos**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2005. 235 p.

#### c. Capítulo de livro:



KLUTHCOUSKI, J.; YOKOYAMA, L. P. Opções de integração lavoura-pecuária. In: KLUTHCOUSKI, J.; STONE, L. F.; AIDAR, H. (Ed.). **Integração Lavoura-Pecuária**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2003. p.131-141.

#### **d. Trabalho em Anais:**

BARCELOS, A. O.; VILELA L. Leguminosas forrageiras tropicais: Estado de arte e perspectivas futuras. In: Simpósio Internacional de Forragicultura, 1994, Maringá, **Anais...** Maringá: UEM/SBZ, 1994. p. 1-56.

#### **e. CD-ROM:**

SILVA, M. L. N.; FREITAS, P. L.; BLANCANEUX, P. Índice de erosividade de chuva da região de Goiânia - GO. In: CONGRESSO LATINO AMERICANO DE CIÊNCIA DO SOLO. 13., 1996. **Anais...** Águas de Lindóia: Embrapa, 1996. CD-ROM

#### **f. Internet:**

CONAB - Companhia nacional de abastecimento. Safra 2007/2008. Disponível em <[http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/estudo\\_safra.pdf](http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/estudo_safra.pdf)>. Acesso em 4 de novembro de 2012.



## XXXI CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO

"Milho e Sorgo: inovações,  
mercados e segurança alimentar"

---