

Seleção genômica para ganhos na produtividade de grãos em pinhão-mansô

Adriano dos Santos (Embrapa Agroenergia, adriano.agro84@yahoo.com.br), Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br), Adriana de Souza Carneiro (UnB, adriancarneiro95@hotmail.com), Alex Gabriel Cajado Ferreira (UnB, gabriel.cajado.f@gmail.com), Ana Clara Oliveira Comby (UnB, anacomby.acc@gmail.com), Eloisa Silva Gomes (UnB, geloisagomes@gmail.com), Leonardo de Sousa Rocha (UnB, leonardos322@gmail.com), Rosana Falcão (Embrapa Agroenergia, rosana.falcao@embrapa.br), Marina Guimarães Brasileiro (UnB, marina.gbrasileiro@hotmail.com), Tayne Valadares da Silva UnB, taynevaladaress@gmail.com), Laíse Teixeira da Costa (Embrapa Agroenergia, laise.costa@embrapa.br), Erina Vitório Rodrigues (Universidade de Brasília, erinavict@hotmail.com)

Palavras Chave: *Jatropha curcas* L., capacidade preditiva, SNP, melhoramento genético.

1 - Introdução

A globalização e o expressivo crescimento populacional têm intensificado a demanda por fontes de energia, principalmente as energias renováveis, uma vez que o uso de energias provenientes do petróleo ou carvão, por exemplo, são finitas. Neste cenário aumentou-se o estudo da viabilidade de fontes de energia oriunda de matéria-prima vegetal, como espécies oleaginosas.

No Brasil, a cultura que se consolidou para este fim é a soja. No entanto, vale ressaltar que a matriz energética não deve concentrar apenas em uma fonte de oleaginosa, é importante uma diversificação de matérias-primas não convencionais, como por exemplo o pinhão-mansô, visto que essa cultura apresenta excelente rendimento de óleo (ROCHA et al., 2012).

Entretanto, para a consolidação dessa espécie como nova fonte de biodiesel é necessário a implementação de técnicas que auxiliem os melhoristas no desenvolvimento de novas cultivares. Nesse sentido, a elucidação e utilização da Seleção Genômica (SG) permite, de forma robusta e precisa, o acesso às informações genéticas, as quais são potencialmente úteis aos programas de melhoramento do pinhão mansô.

O entendimento da variação genética presente nas populações de melhoramento possibilitará a redução de tempo e recurso destinados ao desenvolvimento de novas cultivares. Além disso, possibilitará a seleção de cultivares mais produtivas, adaptadas e com qualidade superior para produção de biodiesel. Isso posto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a implementação da seleção genômica para ganhos na produtividade de grãos em pinhão-mansô.

2 - Material e Métodos

Foram avaliados 200 indivíduos da população de melhoramento de pinhão-mansô, que é proveniente do cruzamento fatorial desconexo entre 42 genitores. A população foi avaliada em delineamento experimental de blocos ao acaso com seis repetições, três plantas por parcela e espaçamento de 4 x 2 m.

Os efeitos genéticos dos marcadores foram previstos na população utilizando 1.000 marcadores SNP's com *missing* < 5% e MAF > 4%. As análises de seleção

genômica foram realizadas utilizando o método da regressão aleatória RR-BLUP (Meuwissen et al., 2001). Para estimação dos efeitos das marcas via metodologia RR-BLUP, o seguinte modelo linear misto foi utilizado (Resende et al., 2008): $y = Xb + Za + e$; em que: y é o vetor de observações fenotípicas; b é o vetor de efeitos fixos; a é o vetor dos efeitos aleatórios das marcas; e é o vetor de resíduos aleatórios; X e Z são as matrizes de incidência para B e a .

O método de validação cruzada empregado foi o *K-Fold*, sendo considerado nesse trabalho k igual a 10 *Folds*. O conjunto de observações foi dividido aleatoriamente em grupos. Na análise, 180 genótipos foram utilizados como população de treinamento e o grupo de 20 genótipos restantes foram utilizados como população de validação. Esse procedimento foi repetido por 10 vezes ($k=10$) e todos os grupos de genótipos excluídos foram utilizados na validação. A capacidade preditiva (r_{gy}) foi obtida por meio da correlação entre os valores genômicos preditos e os valores fenotípicos corrigidos, sendo equivalente à capacidade preditiva da GWS em estimar os fenótipos. Todas as análises foram realizadas no software R (R Core Team, 2018).

3 - Resultados e Discussão

As estimativas da acurácia seletiva (r_{gg}) obtidas com a utilização da SG estão apresentadas na Figura 1. Observa-se que as acurácias para primeira safra variaram de 0 a 0,30 com média de 0,18. Já para segunda e terceira safras a média da acurácia foi de 0,36 e 0,30, respectivamente. Estes valores obtidos são considerados de baixa magnitude à moderada (RESENDE e DUARTE 2007).

As baixas magnitudes de r_{gg} observadas em algumas características avaliadas podem estar relacionadas ao tamanho populacional e, sobretudo, ao tamanho efetivo da população. Ou ainda a baixa herdabilidade observada na primeira safra. De acordo com (GRATTAPAGLIA e RESENDE, 2011; DESTA e ORTIZ, 2014) o sucesso da seleção genômica é influenciada por diversos fatores, os quais interferem na acurácia seletiva de um modelo de SG. Podendo se destacar o tamanho da população de treinamento, tamanho efetivo populacional, densidade de marcadores, herdabilidade da característica e número de QTL que governam as características.

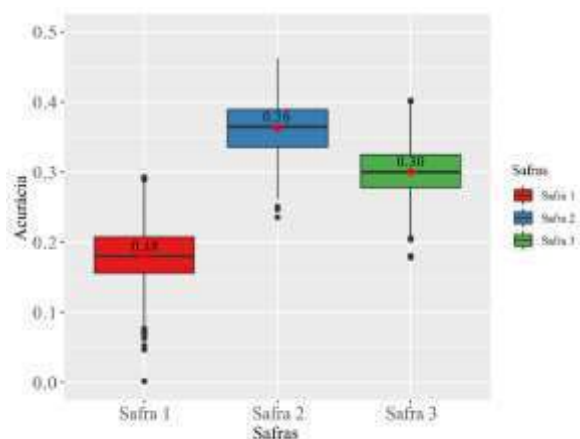


Figura 1. Boxplot da acurácia da seleção genômica obtidas pelo modelo RR-BLUP na população de pinhão-mansó.

Quanto a capacidade preditiva (r_{gy}) que equivale a correlação entre os valores genéticos genômicos e os valores fenotípicos observados, e reflete a consistência das informações moleculares em informar sobre o fenótipo (Cavalcanti et al. 2012). Foi observada boa capacidade preditiva para as safras, indicando a capacidade de se antever fenótipos para produção de grãos em ambas as safras (Figura 2). Esses resultados mostram que, de modo geral, os valores de r_{gy} foram maiores para as safras que apresentaram os maiores valores de h^2_a (dados não apresentados).

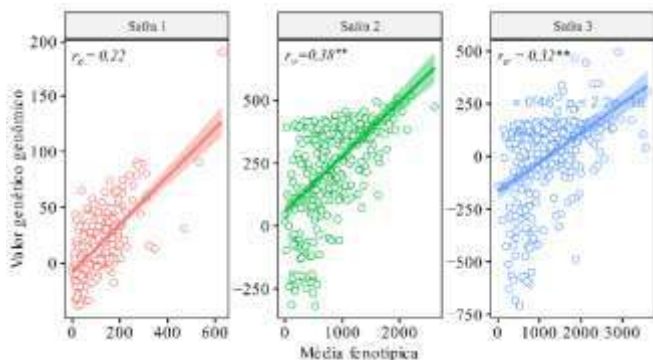


Figura 2. Gráficos de dispersão dos valores genéticos genômicos estimados via RR-BLUP e valores fenotípicos observados para a produção de frutos de pinhão-mansó avaliados nas três safras. r_{gy} : capacidade preditiva.

Pode-se perceber então, grande vantagem na GWS, pois os valores de acurácia e capacidade preditiva indicam a possibilidade de sucesso na seleção genômica ainda no segundo ano de avaliação. O pinhão-mansó apresenta baixa repetibilidade (Laviola et al., 2013), e deste modo, deve-se realizar várias colheitas para realizar uma acurada seleção fenotípica. Assim, mesmo quando a acurácia da seleção genômica for de mesma magnitude que a obtida com a seleção baseada em dados fenotípicos, a GWS proporcionará ganhos genéticos superiores, devido à redução do ciclo de seleção.

Apesar dos resultados promissores, novos estudos são necessários, de forma a aumentar o número de genótipos

que compõem as populações de estimação, validação e seleção. Além disso, abordar a utilização de diferentes métodos de SG bem como avaliar a influência da interação genótipo e ambiente e, finalmente, estudos de associação genômica (AS) são necessários, os quais possibilitarão a seleção de marcadores associados a genes específicos e, conseqüentemente, a seleção de genótipos superiores.

4 – Conclusões

A seleção genômica mostra-se potencial para o melhoramento do pinhão-mansó, possibilitando prever precocemente os fenótipos e reduzir o ciclo de seleção. Portanto, esta é uma ferramenta importante no melhoramento do *Jatropha curcas*.

5 – Agradecimentos

Embrapa Agroenergia, Embrapa Cerrados, CNPq, Finep e Universidade de Brasília.

6 - Bibliografia

- CAVALCANTI, J. J. V.; RESENDE M. D. V.; SANTOS F. H. C.; PINHEIRO, C. R. Predição simultânea dos efeitos de marcadores moleculares e seleção genômica ampla em cajueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, **2012**, 34, 840-846.
- DESTA Z. A.; ORTIZ R. Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement. *Trends in Plant Science*, **2014**, 19, 592–601.
- GRATTAPAGLIA D.; RESENDE, M. D. V. Genomic selection in forest tree breeding. *Tree Genetics & Genomes*, **2011**, 7, 241-255.
- LAVIOLA, B. G., OLIVEIRA, A. M., BHERING, L. L.; ALVES, A.; ROCHA, R. B.; GOMES, B. E.; CRUZ, C. D. Estimates of repeatability coefficients and selection gains in *Jatropha* indicate that higher cumulative genetic gains can be obtained by relaxing the degree of certainty in predicting the best families. *Industrial Crops and Products*, **2013**, 51, 70-76.
- MEUWISSEN, T. H. E.; GODDARD, M. E.; HAYES, B. J. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics, Austin*, **2001**, 157, 4, p. 1819-1829.
- R CORE TEAM. *R: The R Project for Statistical Computing*. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>.
- RESENDE M. D.V.; LOPES, P.; SILVA R. L.; PIRES, I. E.; Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. *Pesquisa Florestal Brasileira*, **2008**, 56, 63–77.
- ROCHA R. B.; RAMALHO A. R.; TEIXEIRA A. L.; LAVIOLA B. G.; DA SILVA F. C.; MILITÃO J.S.; Eficiência da seleção para incremento do teor de óleo do pinhão-mansó. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. **2012**, 47, 1, 44-50.