

Seleção Genômica Ampla para os Componentes da Eficiência no Uso de Fósforo em Milho

Roberto Fritsche-Neto¹, Glauco Vieira Miranda¹, Júlio César Do Vale³, Felipe Pereira Bermudez², Éder Cristian Malta Lanes², Marcos Deon Vilela de Resende⁴ Carlos Siguelyuki Sedyama¹

Resumo

O objetivo deste trabalho foi verificar a eficácia do método da seleção genômica ampla (GWS) no melhoramento de milho para os componentes da eficiência no uso de fósforo (EUP). Para isto, foram avaliadas 41 combinações híbridas de milho, em alta e baixa disponibilidade de P, em casa de vegetação pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, em outubro de 2010. As plantas foram coletadas no estádio V6. Foram estimados os dois componentes da EUP, que são as eficiências de absorção e de utilização de N. Os dados obtidos foram submetidos a análises estatísticas via metodologia REML/BLUP. Na genotipagem da população de estimação, foram utilizados 80 marcadores microssatélites (SSR). A predição dos valores genéticos genômicos dos híbridos foi obtida via RR-BLUP/GWS. Para os caracteres em que a GWS apresentou altos valores de acurácia seletiva, ela foi comparada com a seleção recorrente intrapopulacional. Com o uso da GWS houve um aumento significativo na acurácia seletiva, nos ganhos estimados por unidade de tempo.

Introdução

O fósforo (P) é um nutriente limitante em várias regiões do mundo, principalmente nos solos intemperizados dos trópicos. Quando a disponibilidade deste elemento no solo é limitante, durante o crescimento e desenvolvimento vegetal, ocorre redução no metabolismo, da massa e da superfície de vários órgãos das plantas, afetando assim a produtividade (Sultenfuss e Doyle 1999). Isto se deve ao P estar envolvido na produção e transporte de energia e nutrientes, fotossíntese, transformação de carboidratos e na composição dos ácidos nucléicos, açúcares fosfatados, fosfolipídios e coenzimas (Taiz e Zeiger 2006). Assim, a eficiência no uso de P (EUP) pelas plantas é importante, pois permite alcançar produtividades satisfatórias, com menores custos e de modo sustentável (Ahlgren et al. 2008).

Moll et al. (1982) definiram a EUP como produtividade de grãos ou de parte aérea seca por unidade de P disponível para a planta. A avaliação e a seleção baseadas no fenótipo para EUP utilizam geralmente métodos destrutivos da planta, o que, dependendo da estrutura genética da população, não permite o uso daquelas identificadas como superiores em hibridações. Consequentemente há redução no potencial dos ganhos a serem obtidos com a seleção.

A seleção genômica ampla (GWS) foi proposta visando aumentar a eficiência do melhoramento genético (Meuwissen et al. 2001). Com a GWS, a predição e a seleção podem ser realizadas em fases juvenis das plantas, acelerando assim o processo de melhoramento (Resende 2008), e ainda sem utilizar métodos destrutivos.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi o verificar a eficácia do método da GWS no melhoramento do milho para os componentes da EUP.

Material e métodos

Para a condução dos experimentos foram utilizadas duas fontes de germoplasma: a primeira composta de sete linhagens homogêneas para eficiência no uso de fósforo (EUP) e contrastantes para eficiência no uso de nitrogênio (EUN) (Grupo I) e a segunda de sete linhagens homogêneas EUN e contrastantes para a EUP (Grupo II). Pelo cruzamento entre as linhagens dos dois grupos, foram obtidas 41 combinações híbridas por meio de cruzamentos em esquema de fatorial interpopulacional (desbalanceado).

As 41 combinações híbridas obtidas foram avaliadas em alta e baixa disponibilidade de P, utilizando o delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, em esquema fatorial simples (híbridos x níveis de P). O experimento foi conduzido em casa de vegetação pertencente ao Departamento de Fitotecnia, da Universidade

¹ Professor do Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV). Av. PH Rolfs s/n, CEP 36570-000, Viçosa, MG. roberto.neto@ufv.br, glaucovmiranda@ufv.br, csedyama@ufv.br.

² Pós-graduando em Genética e Melhoramento na UFV. feliperamil@gmail.com, edercml@gmail.com.

³ Pós-graduando em Fitotecnia, UFV. julio.vale@ufv.br

⁴ Pesquisador Embrapa Florestas. deon@cnpf.embrapa.br

Federal de Viçosa (20°45'14"S; 42°52'53"W), em outubro de 2010. Para genotipar a população de estimação, foram utilizados 80 marcadores microssatélites (SSR). As plantas foram coletadas no estádio de seis folhas completamente expandidas (V6), 25 dias após a sementeira. A partir dos dados obtidos foram estimados os dois componentes da EUP (Moll et al. 1982): eficiência de absorção (EAbP = P na planta / P aplicado) e eficiência de utilização (EUtP = massa da parte aérea seca / P na planta).

Para a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos, os dados obtidos foram submetidos a análises estatísticas por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP) (Resende, 2002).

A predição dos valores genéticos genômicos das combinações híbridas foi obtida via Regressão Aleatória (Random Regression) do tipo BLUP (RR-BLUP) aplicado à seleção genômica ampla (RR-BLUP/GWS), sendo esta um tipo especial da regressão de cumeeira (Ridge Regression) (Resende 2008):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{h} + \mathbf{e}$$

em que, \mathbf{y} : é o vetor de médias fenotípicas de cada combinação híbrida, \mathbf{b} : é o vetor de efeitos fixos, \mathbf{h} : é o vetor dos efeitos aleatórios dos alelos marcadores e \mathbf{e} : refere-se ao vetor de resíduos aleatórios. \mathbf{X} e \mathbf{Z} são as matrizes de incidência para \mathbf{b} e \mathbf{h} . A matriz de incidência \mathbf{Z} contém os valores 0, 1 e 2 para o número de alelos. A estrutura de médias e variâncias é definida como: $h \sim N(0, G)$; $E(y = Xb)$; $e \sim N(0, R = I\sigma_e^2)$; $\text{Var}(\mathbf{y}) = \mathbf{V} = \mathbf{Z}\mathbf{G}\mathbf{Z}' + \mathbf{R}$; $G = I\sigma_A^2 / n$.

O valor genético genômico global do indivíduo j é dado por $VGG = \hat{y}_j = \sum_i Z_i \hat{h}_i$.

Primeiramente, foi analisado todo o conjunto de marcadores moleculares em todos os indivíduos fenotipados (população de estimação completa). A partir destes resultados, foram gerados nove subgrupos de alelos marcadores, formados por 214 (todos os alelos), 150, 100, 50, 25, 10, 5, 2 e 1. A formação destes subgrupos foi realizada baseada no efeito (em módulo) dos alelos marcadores obtidos na análise inicial, ou seja, considerando todos os 214. A partir destes valores, de modo seqüencial, foram retirados da análise os de menor efeito, até atingir o extremo de apenas um alelo marcador (o de maior efeito) formando o subgrupo. A validação cruzada foi realizada pela reamostragem de um grupo de indivíduos via procedimento Jackknife (Heltshe e Forrester 1983).

Para os caracteres em que a GWS apresentou valores de acurácia seletiva superior a fenotípica, ela foi comparada com o método da seleção recorrente intrapopulacional (SRI). Para isto, foi considerada a formação de uma população base, originada do livre cruzamento entre diversas linhagens. Desta população, foram obtidas 200 progênies de meio-irmãos maternos para avaliação e 200 progênies endogâmicas S_I para recombinação. Estas progênies foram avaliadas em um experimento com duas repetições, sendo a parcela constituída de 25 plantas, totalizando 10.000 plantas avaliadas. Além disso, foi considerada a seleção de 10% das progênies superiores.

No caso da GWS, foram consideradas, na mesma população de 10.000 plantas, a seleção dos 200 melhores indivíduos antes do florescimento e a sua recombinação, ou seja, intensidade de seleção de 2%, em nível de indivíduo, com controle parental em ambos os sexos e coincidência entre as gerações de avaliação e recombinação.

Os ganhos em desvios padrão genéticos aditivos da seleção foram estimados por $GS = k.r_{gg}$, em que, $k=1,76$

para o método da SRI e 2,42 para o da GWS; r_{gg} é a acurácia seletiva (descrita anteriormente para o método GWS),

obtida por $\sqrt{1/4h_{Am}^{2*}}$ para os métodos da SRI, em que, $h_{Am}^{2*} = \frac{r.(1/2)h_A^2}{1+(r-1)(1/4)h_A^2}$.

A partir destas estimativas foi obtida, para cada carácter, a eficiência do método GWS em relação ao da SRI por $EF_{GWS(\%)} = \frac{GS_{GWS} \cdot t_{SRI}}{GS_{SRI} \cdot t_{GWS}} \cdot 100$, em que, GS é o ganho de seleção estimado em desvios padrão genético aditivos

para cada um dos métodos (GWS e SRI); e t é o tempo médio (em anos) do ciclo de cada um dos métodos, sendo 1,5 para o da SRI e 1,0 e 0,5 para o da GWS, considerando a possibilidade de um ou dois ciclos por ano, respectivamente.

Resultados e discussão

Considerando os resultados dos ganhos preditos obtidos com um ciclo de GWS por ano, é possível obter aumento na eficiência de seleção em relação ao método da seleção recorrente intrapopulacional, para os caracteres EAP e EUtP em baixo P (BP) e massa de parte aérea seca (MPS) em alto P (AP) de 1028,01%, 960,21% e 1240,86%, respectivamente (Tabela 1). Quando foi considerada a possibilidade de dois ciclos de GWS por ano, estes valores passaram para 3317,05%, 3098,27% e 4003,85%, respectivamente. Com isto, é possível observar que

com a GWS há um aumento significativo na acurácia seletiva, nos ganhos por unidade de tempo e no processo de melhoramento genético.

Tabela 1. Estimativas de ganhos com a seleção (GS) em desvios padrão genético aditivos em cada método considerado e a eficiência relativa (ER) da seleção genômica ampla (GWS), com um (GWS 1) ou dois (GWS 2) ciclos por ano, em relação ao método da seleção recorrente intrapopulacional (SRI), eficiências de absorção (EAP) e de utilização (EUtP) e a massa de parte aérea seca (MPS) em baixo (BP) e alto fósforo (AP), em milho, Viçosa, MG

Estimativa	Método	Caráter		
		EAP (BP)	EUtP (BP)	MPS (AP)
GS	SR	0,29	0,35	0,22
	GWS	1,97	2,25	1,83
ER (%)	GWS 1	1028,01	960,21	1240,86
	GWS 2	3317,05	3098,27	4003,85

Para alcançar aumentos na EUP, é necessário o aumento de seus componentes (Parentoni e Souza Jr 2008). Segundo Corrales et al. (2007), quando a disponibilidade de um determinado nutriente é limitante, a EAbP é mais importante que a EUtP. Assim, a EAbP tanto em alta disponibilidade de P como em baixa disponibilidade, são de grande interesse no ponto de vista de melhoramento para condições de estresses de P, pois possibilita a seleção indireta de plantas mais EUP, além de apresentar excelentes ganhos com a seleção por meio da GWS.

Por fim, é possível concluir que o método da seleção genômica ampla é eficiente no melhoramento dos componentes da EUP em milho em condições de alta disponibilidade de fósforo no solo.

Referências

- Ahlgren S, Baky A, Bernesson S, Nordberg A, Norén O and Hansson P (2008) Ammonium nitrate fertiliser production based on biomass – environmental effects from a life cycle perspective. **Bioresource Technology** **99**: 8034-8041.
- Corrales I, Amenós M, Poschenrieder C and Barceló J (2007) Phosphorus efficiency and root exudates in two contrasting tropical maize varieties. **Journal of Plant Nutrition** **30**: 887–900.
- Heltshe JF and Forrester NE (1983) Estimating species richness using the jackknife procedure. **Biometrics** **39**: 1-11.
- Meuwissen T, Hayes B and Goddard M (2001) Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics** **157**:1819-1829.
- Moll RH, Kamprath EJ and Jackson WA (1982) Analysis and interpretation of factors which contribute to efficiency of nitrogen utilization. **Agronomy Journal** **74**: 562-564.
- Parentoni SN, Souza Jr. CL (2008) Phosphorus acquisition and internal utilization efficiency in tropical maize genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **43**: 893-901.
- Resende MDV (2002) **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. EMBRAPA Informação Tecnológica, Brasília. 975p.
- Resende MDV (2008) **Genômica quantitativa e seleção no melhoramento de plantas perenes e animais**. EMBRAPA Florestas, Colombo. 330p.
- Sultenfuss JH and Doyle WJ (1999) Phosphorus for agriculture. **Better Crops with Plant Food** **83**: 1-40.
- Taiz L and Zeiger E (2006) **Plant Physiology**. (4Ed.) Sinauer Associates, Sunderland, 764p.