

Seleção genômica no melhoramento do pinhão-mansão: precisão do modelo entre safras

Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br), Adriano dos Santos (Embrapa Agroenergia, adriano.agro84@yahoo.com.br), Rosana Falcão (Embrapa Agroenergia, rosana.falcao@embrapa.br), Adriana de Souza Carneiro (Universidade de Brasília, adriana Carneiro95@hotmail.com), Ana Clara Oliveira Comby (Universidade de Brasília, anacomby.acc@gmail.com), Eloisa Silva Gomes (Universidade de Brasília, geloisagomes@gmail.com), Leonardo de Sousa Rocha (Universidade de Brasília, leonardos322@gmail.com), Alex Gabriel Cajado Ferreira (Universidade de Brasília, gabriel.cajado.f@gmail.com), Jhessica Lanna Rodrigues de Carvalho (Universidade Federal do Piauí, jhessica.lanna@hotmail.com), João Victor Jorge dos Santos (UnB, joaovictor_jorge@outlook.com), Wanessa Barros Colli (UnB, wanessabarros@outlook.com), Erina Vitória Rodrigues (Universidade de Brasília, erinavict@hotmail.com)

Palavras Chave: *Jatropha curcas* L., acurácia, predição genômica.

1 - Introdução

O Brasil possui elevado potencial para produção de biocombustíveis para atender tanto o mercado nacional quanto o mundial, visto que no âmbito de sua longa e diversificada produção e uso de biocombustíveis foi desencadeada pela adoção do Proálcool e do Programa Nacional de Produção e Uso de Biodiesel (PNPB). Há diversas fontes potenciais de oleaginosas no Brasil para a produção de biodiesel.

Dentre as culturas potenciais para esta finalidade, observa-se um destaque relevante para a soja. Uma das maneiras eficazes para solucionar a quantidade limitada de matérias-primas tradicionais e os seus preços elevados é investimento na melhoria da produção de biodiesel a partir de óleo vegetal não comestível (Dharma et al., 2016).

Visando garantir, em médio/longo prazo, maior competitividade do setor de biodiesel torna-se importante a diversificação com novas fontes de matérias-primas potenciais, como o pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.) (LAVIOLA et al., 2013). Os melhoristas de plantas perenes almejam encurtar os ciclos seletivos e minimizar o tempo para lançamento de cultivares.

Para isso uma alternativa que vem sendo empregada com bastante êxito é a Seleção Genômica Ampla (GWS). Este método permite selecionar genótipos superiores em fase ultraprecoce, reduzindo a necessidade de se avaliar os testes de progênies (RESENDE et al., 2012b). No caso das culturas do pinhão-mansão, estima-se que a GWS poderá encurtar o ciclo de melhoramento de 8 a 10 anos para 2 anos, o que causaria um alto impacto na liberação de novas cultivares para o plantio dos agricultores. O objetivo deste trabalho foi avaliar modelos preditivos em cada safra quanto à acurácia na previsão dos valores genéticos entre as demais safras.

2 - Material e Métodos

Foram avaliados 250 indivíduos da população de melhoramento de pinhão-mansão 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. No processo de análise, 180 genótipos eram utilizados como população de treinamento, e o grupo de 20 genótipos restantes eram 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.

Os modelos GS desenvolvidos em cada safra foram avaliados quanto à acurácia na previsão dos valores genéticos entre as demais safras. Para esta análise, a precisão foi calculada pela correlação do GEBV derivado de dados coletados nas primeiras safras, com o EBV na segunda e terceira safra. Como a mesma planta é comparada entre as idades (safras), há uma dependência entre uma planta em duas safras diferentes. Portanto, uma validação cruzada com 10-*folds* foi realizada conforme descrito anteriormente. Todas as análises foram realizadas no software R (R Core Team, 2018).

3 - Resultados e Discussão

A acurácia seletiva está associada à precisão da seleção e refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Deste modo, quanto maior a acurácia seletiva na avaliação

de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito para o indivíduo. Possibilitando assim maiores ganhos com a seleção. Entretanto, os valores observados de acurácia com base unicamente nos dados fenotípicos variaram de 0,17 a 0,37 para a primeira e terceira safra, respectivamente (Tabela 1). Demonstrando que a seleção com base unicamente nos dados fenotípicos possuem baixa precisão na primeira e segunda safra e moderada precisão na terceira safra.

Tabela 1. Acurácia da seleção fenotípica e da seleção genômica obtidas pelo modelo RR-BLUP na população de pinhão-manso nas três safras.

Safras	Acurácia (BLUP)	Acurácia (GS)
I	0,17	0,20
II	0,20	0,31
III	0,37	0,83

A baixa precisão observada para a seleção nas primeiras safras pode estar relacionada a baixa repetibilidade observada na cultura do pinhão-manso, como relatado por Laviola et al. (2013) estudando o coeficiente de repetibilidade da produção de grãos no pinhão-manso, no qual os autores concluíram que o coeficiente de repetibilidade da produção de grãos no pinhão-manso é baixo e que são necessários no mínimo de 4 a 7 safras para prever o valor genético das famílias selecionadas com confiabilidade.

Como esperado, observando as acurácias da seleção genômica obtidas nas três safras, pode-se notar diminuição na precisão, quando as medições em idades mais jovens foram usadas (primeira e segunda safra). Isso fica evidente quando comparamos a acurácia da primeira safra com a segunda safra (Tabela 1), no qual a acurácia da seleção genômica obtida na primeira safra foi, aproximadamente, seis vezes menor que a acurácia na terceira safra.

Em relação aos modelos desenvolvidos para produção de grãos com base em dados coletados na primeira safra (um ano) e validados na mesma população aos 2 e 3 anos de idade (segunda e terceira safra, respectivamente), pode-se observar que quando utilizou-se a primeira safra para validação dos dados da segunda safra a precisão reduziu mais de 50% (Figura 1A) em relação a precisão da segunda safra (Tabela 1). O mesmo resultado pode ser observado quando modelos estimados na primeira safra foi validado com base em dados da terceira safra (Figura 1B). No entanto, moderada precisão foi verificada quando utilizou-se modelos estimados na segunda safra e validado com base em dados da terceira safra (Figura 1C).

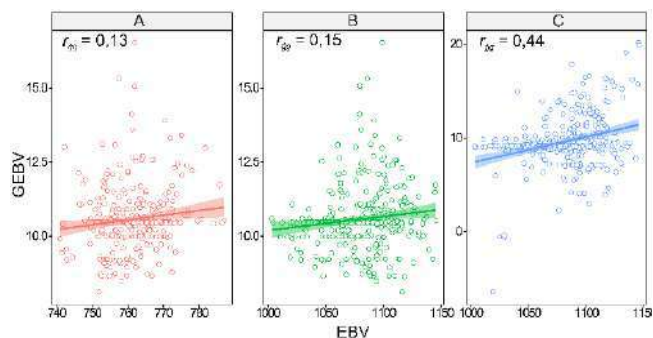


Figura 1. Acurácia para produção de grãos estimada na primeira safra e validada na segunda safra (A), estimada na primeira safra e validada na terceira safra (B) e estimada na segunda safra e validada na terceira safra (C) na população de pinhão-manso.

Diante deste resultado, pode-se inferir na existência de baixas correlações genéticas entre a primeira safra com a segunda e terceira safra, isso deve-se a baixa estabilidade produtiva do pinhão-manso na primeira safra, pois grande parte dos indivíduos da população ainda estão em desenvolvimento impossibilitando a expressão do seu potencial produtivo. Pois, de acordo com Pereira (2014) avaliando o desempenho agrônomo do pinhão-manso, observou aumento na produção de grãos de 630% do primeiro para o segundo ano de colheita.

Por outro lado, a precisão dos modelos desenvolvidos com base nos dados de produção de grãos da segunda safra foi muito mais preditiva nas medições da terceira safra, podendo existir maior correlação genética entre estas safras. Pode-se sugerir ainda que a interação genótipo por safras afetam severamente a transferibilidade dos modelos entre as safras quando se utiliza a primeira safra.

4 – Conclusões

O modelo gerado em idade precoce (primeira safra) não possui bom desempenho para prever fenótipos aos três anos de idade.

O modelo gerado na segunda safra possibilita moderada performance para prever fenótipos na terceira safra.

5 – Agradecimentos

Embrapa Agroenergia, Embrapa Cerrados, CNPq, FAPDF e Finep.

6 - Bibliografia

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.

PEREIRA, J. C. S. Desempenho agronômico de genótipos de pinhão-mansão. Tese (Doutorado em Agronomia), Universidade Federal de Goiás, 2014, 59 f.

R CORE TEAM. R: The R Project for Statistical Computing. **2018** 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.