



# Simpósio de Integração Acadêmica

## “Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



### AVALIAÇÃO GENÉTICA DE MILHO-PIPOCA UTILIZANDO O PBLUP EM DADOS DE CAMPO E SIMULAÇÕES IN SILICO

Bruna Oliveira Monteiro<sup>1</sup>, José Marcelo Soriano Viana<sup>2</sup>, Bruna Martins de Abreu<sup>1</sup>, Jean Paulo Aparecido da Silva<sup>3</sup>, Eduardo Gabriel Hermann<sup>1</sup>, Fernando Castilho Lisboa<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Estudante de graduação da UFV; <sup>2</sup>Professor do DBG/UFV; <sup>3</sup>Estudante de Pós-Graduação da UFV

[bruna.o.monteiro@ufv.br](mailto:bruna.o.monteiro@ufv.br); [jmsviana@ufv.br](mailto:jmsviana@ufv.br); [bruna.m.abreu@ufv.br](mailto:bruna.m.abreu@ufv.br); [jean.p.silva@ufv.br](mailto:jean.p.silva@ufv.br); [eduardo.hermann@ufv.br](mailto:eduardo.hermann@ufv.br); [fernando.lisboa@ufv.br](mailto:fernando.lisboa@ufv.br)

Área temática: Melhoramento Vegetal. Grande Área: Ciências Agrárias. Categoria: Pesquisa

Palavras-chave: avaliação genética, BLUP baseado em pedigree, ganhos genéticos

#### Introdução

A melhor predição linear não viesada baseada em pedigree (pBLUP) é um método eficaz para avaliação genética que utiliza BLUP. No contexto do melhoramento de plantas, a aplicação mais importante do BLUP é a previsão de cruzamentos não avaliados.

#### Objetivos

Usando dados reais e simulados ao longo de 4 gerações de autofecundação, objetivou-se avaliar a eficácia do pBLUP para fornecer linhagens superiores.

#### Material e Métodos

Utilizamos dados de 30.986 plantas ao longo de 6 gerações S0 e 8 ensaios de progênies endogâmicas (S1-S4), durante um período de 8 anos no Setor de Genética do DBG/UFV. Os testes de progênie S1 e S4 foram repetidos 2 vezes devido a um baixo estande no período de floração, ocorrendo nas safras 13/14 e 14/15, e 19/20 e 20/21. Grupos diferentes de progênies S2 e S3 foram avaliados ao longo de 2 anos, ocorrendo nas safras 15/16 e 16/17, e 17/18 e 18/19, respectivamente. Foram medidas a produtividade de grãos (PG) e a capacidade de expansão (CE). Além disso, realizamos simulações da PG e da CE para 5000 plantas (S0-S4) em 2 populações in silico, considerando 300 e 400 genes distribuídos em 10 cromossomos de 200 cM, respectivamente, com 10% desses genes sendo pleiotrópicos. Selecionamos plantas autopolinizadas com base no valor aditivo previsto para a CE, ajustando o modelo individual na população endogâmica.

#### Bibliografia

Falconer, DS and Mackay, TFC. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th ed. Longman.

Henderson, CR. 1973. Sire evaluation and genetic trends. **Journal of animal science** 1973 Symposium: 10-41.

Viana, JMS., et al. 2011. Best Linear Unbiased Prediction and Family Selection in Crop Species. **Crop Science** 51: 2371-2381.

Viana, JMS., et al. 2012. Combined selection of progeny in crop breeding using best linear unbiased prediction. **Canadian Journal of Plant Science**, 92, 553-562

#### Resultados e Discussão

Tabela: Acurácias da seleção fenotípica massal e do pBLUP com base em CE, % de plantas selecionadas (%S) e incrementos de ganhos genéticos diretos (iDgd; mL/g) e indiretos (iDgi; g/planta) por geração com pBLUP, em relação à seleção fenotípica massal, nas populações de pipoca e in silico.

Pop.	Gen.	Ac <sub>1</sub>	Ac <sub>2</sub>	Ac <sub>3</sub>	Ac <sub>4</sub>	Ac <sub>5</sub>	%S	iDgd	iDgi
Synthetic	S <sub>0</sub>	-	0.89	-	-	0.88	0	-	-
	S <sub>1</sub>	-	0.95	-	-	0.92	50	0.00	0.00
	S <sub>2</sub>	-	0.89	-	-	0.85	45	-0.58	0.16
	S <sub>3</sub>	-	0.70	-	-	0.55	40	0.45	-0.17
	S <sub>4</sub>	-	0.20	-	-	-2	-	-	-
UFV-1	S <sub>0</sub>	-	0.80	-	-	-2	0	-	-
	S <sub>1</sub>	-	0.89	-	-	0.62	50	0.13	-0.08
	S <sub>2</sub>	-	0.82	-	-	-2	45	-0.20	-0.38
	S <sub>3</sub>	-	0.42	-	-	-2	40	0.06	0.10
	S <sub>4</sub>	-	0.12	-	-	-2	-	-	-
UFV-2	S <sub>0</sub>	-	0.80	-	-	0.75	0	-	-
	S <sub>1</sub>	-	0.84	-	-	0.85	50	-0.01	0.03
	S <sub>2</sub>	-	0.74	-	-	0.69	45	-0.04	-0.05
	S <sub>3</sub>	-	0.32	-	-	-2	40	0.02	0.46
	S <sub>4</sub>	-	0.18	-	-	-2	-	-	-
UFV-3	S <sub>0</sub>	-	0.78	-	-	0.76	0	-	-
	S <sub>1</sub>	-	0.86	-	-	0.86	50	0.00	-0.01
	S <sub>2</sub>	-	0.83	-	-	0.83	45	0.05	-0.01
	S <sub>3</sub>	-	0.55	-	-	-2	40	0.00	0.18
	S <sub>4</sub>	-	0.21	-	-	-2	-	-	-
UFV-4	S <sub>0</sub>	-	0.73	-	-	0.68	0	-	-
	S <sub>1</sub>	-	0.85	-	-	0.86	50	-0.25	-0.10
	S <sub>2</sub>	-	0.80	-	-	0.80	45	0.06	-0.07
	S <sub>3</sub>	-	0.45	-	-	-2	40	0.05	-0.04
	S <sub>4</sub>	-	0.15	-	-	-2	-	-	-
UFV-5	S <sub>0</sub>	-	0.86	-	-	0.84	0	-	-
	S <sub>1</sub>	-	0.93	-	-	0.94	50	-0.01	0.00
	S <sub>2</sub>	-	0.88	-	-	0.87	45	-0.04	0.00
	S <sub>3</sub>	-	0.72	-	-	0.49	40	0.15	-0.01
	S <sub>4</sub>	-	0.21	-	-	-2	-	-	-
In silico temperate	S <sub>0</sub>	0.54	0.29	0.52	0.52	0.28	0	-	-
	S <sub>1</sub>	0.54	0.45	0.52	0.67	0.42	50	0.07	-0.04
	S <sub>2</sub>							0.46 <sup>3</sup>	-0.31 <sup>3</sup>
								1.16 <sup>4</sup>	-0.68 <sup>4</sup>
								0.14	-0.04
	S <sub>3</sub>							0.41 <sup>3</sup>	-0.16 <sup>3</sup>
								0.32 <sup>4</sup>	-0.27 <sup>4</sup>
								0.29	-0.20
	S <sub>4</sub>							0.83 <sup>3</sup>	-0.96 <sup>3</sup>
								2.05 <sup>4</sup>	-1.74 <sup>4</sup>
In silico tropical	S <sub>0</sub>	0.54	0.43	0.56	0.56	0.42	0	-	-
	S <sub>1</sub>	0.54	0.55	0.53	0.71	0.58	50	0.02	0.02
	S <sub>2</sub>							0.15 <sup>3</sup>	0.23 <sup>3</sup>
								0.75 <sup>4</sup>	0.48 <sup>4</sup>
								0.03	-0.01
	S <sub>3</sub>							0.15 <sup>3</sup>	-0.06 <sup>3</sup>
								0.54 <sup>4</sup>	0.30 <sup>4</sup>
								0.26	0.31
	S <sub>4</sub>							0.96 <sup>3</sup>	0.86 <sup>3</sup>
								1.25 <sup>4</sup>	0.81 <sup>4</sup>

#### Conclusões

O uso do pBLUP proporcionou ganhos genéticos totais em CE de 1 a 45%, inversamente proporcionais ao nível de melhoria da população de referência, e mudanças indiretas na PG de -17 a 3%, valores que correspondem à metade dos valores assumidos para endogamia e seleção indireta. A análise das populações in silico, assumindo seleção com base no verdadeiro valor aditivo e ganho genético calculado a partir dos valores genotípicos, comprovou que o pBLUP é superior à seleção fenotípica massal.

#### Agradecimentos e Apoio financeiro

