

ANÁLISE DA INTERAÇÃO MARCADOR X DISPONIBILIDADE DE NITROGÊNIO VIA GGE-BIPLLOT EM LINHAGENS DE MILHO TROPICAL

Filipe Couto Alves¹, Ítalo Stefanine Correa Granato², Giovanni Galli³, Danilo Hottis Lyra², Anna Rita Marcondes dos Santos², Roberto Fritsche-Neto⁴

¹ Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas-ESALQ/USP, Piracicaba, SP, filipecouto02@gmail.com; ² Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas-ESALQ/USP, Piracicaba, SP; ³ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas-ESALQ/USP na ESALQ/USP, Piracicaba, SP; ⁴ Professor Doutor na ESALQ/USP, Departamento de Genética, Piracicaba, SP.

A interação genótipo x ambiente é um dos mais importantes fatores a ser considerado no desenvolvimento e recomendação de cultivares. Por isto, várias metodologias foram desenvolvidas para o seu estudo e interpretação como por exemplo, a regressão fatorial, o GGE-Biplot, entre outras. Com o surgimento de novas plataformas de genotipagem, tornou-se possível fazer previsões mais precisas do comportamento de indivíduos baseadas nos efeitos de marcadores por meio de seleção genômica (GS). Além disto, possibilitou estudar a interação genótipo por ambiente em nível de genes e ou, marcadores. Assim, o objetivo foi avaliar a interação marcador x disponibilidade de nitrogênio em linhagens de milho tropical utilizando a metodologia do GGE- Biplot. Para isto, 62 linhagens foram avaliadas em dois níveis de adubação nitrogenada, alto N e baixo N. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos inteiramente casualizados, em esquema fatorial (Linhagem x Dose de N). As linhagens foram fenotipadas para a eficiência no uso de nitrogênio (EUN), a qual foi estimada a partir da relação da produtividade de grãos em kg.ha⁻¹ pela quantidade de adubo nitrogenado utilizado no experimento (alto, 150 kg.ha⁻¹, e baixo, 60 kg.ha⁻¹). Os valores genotípicos das linhagens para cada ambiente (alto e baixo N) foram preditos por meio do método do REML/BLUP via ASREML-R. Os valores preditos das linhagens em conjunto com 488 marcadores SNPs foram utilizados para predição genômica por meio do Lasso Bayesiano (BL) via pacote BGLR-R. O estudo da interação marcador x disponibilidade de nitrogênio foi feito utilizando os efeitos das 30 marcas que apresentaram maior variância dos efeitos estimados nos dois ambientes. A análise gráfica GGE-Biplot foi realizada pelo pacote GGEBiplotGUI-R. Constatou-se ao utilizar os efeitos das marcas de cada ambiente, que os ambientes de alto e baixo N estão correlacionados positivamente. Foi observado também, que o baixo N teve maior capacidade de diferenciar os efeitos das marcas. Notou-se que os marcadores não apresentaram efeitos estáveis nos dois níveis de nitrogênio. Entretanto, mesmo os efeitos não se mantendo estáveis, os melhores marcadores para as duas disponibilidades de nitrogênio foram os mesmos. A análise gráfica via GGE-Biplot permitiu determinar a relação existente entre os ambientes, e, possibilitou a identificação de marcadores específicos por nível de disponibilidade de nitrogênio. Tais resultados indicam a possibilidade de se explorar com acurácia a interação genótipo x ambiente a nível genômico através do uso conjunto das metodologias do Lasso Bayesiano e GGE-Biplot.

Palavras chave: Eficiência no uso de nitrogênio; Interação GxA; Componentes principais; SNP's