

223

Circular  
TécnicaSete Lagoas, MG  
Dezembro, 2016**Autores****Maria Marta Pastina**

D.S., Pesquisadora, Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, km 45, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG, marta.pastina@embrapa.br

**Renato Rodrigues Silva**

D.S., Professor Adjunto, Universidade Federal de Goiás (UFG), renato.rrsilva@ufg.br

**Lauro José Moreira Guimarães**

D.S., Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, km 45, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG, lauro.guimaraes@embrapa.br

**Claudia Teixeira Guimarães**

D.S., Pesquisadora, Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, km 45, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG, claudia.guimaraes@embrapa.br

**Kaio Olímpio das Graças Dias**

D.S., Pós-Doutorando, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo (ESALQ/USP), kaioolimpio@gmail.com

**Luciano da Costa e Silva**

Ph.D., Estatístico Sênior, SAS Institute, luciano.silva@jmp.com

**Jurandir Vieira de Magalhães**

Ph.D., Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, km 45, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG, jurandir.magalhaes@embrapa.br

**Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães**

Ph.D., Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, km 45, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG, paulo.guimaraes@embrapa.br

**Sidney Netto Parentoni**

D.S., Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Rod. MG 424, km 45, CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG, sidney.parentoni@embrapa.br

**Antonio Augusto Franco Garcia**

D.S., Professor Doutor, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo (ESALQ/USP), augusto.garcia@usp.br



# Modelos GBLUP Univariados e Multivariados para Seleção Genômica para Tolerância ao Déficit Hídrico em Milho

## Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal amplamente utilizado para alimentação humana e animal, destacando-se como a cultura de maior produção mundial de grãos. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho, com estimativa de 16,1 milhões de hectares de área colhida, e produção total estimada em 83,8 milhões de toneladas para a safra 2016/2017 (CONAB, 2016). Apesar do elevado potencial produtivo, a cultura do milho apresenta grande sensibilidade a estresses abióticos, sendo o déficit hídrico a principal causa de perdas na produção (RIBAUT et al., 2009). Dentre as medidas para mitigar os efeitos da escassez hídrica na agricultura estão o reaproveitamento da água, a utilização de sistemas de irrigação mais eficientes, o manejo e conservação do solo, o plantio direto sobre palha, e o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes ao déficit hídrico. Neste contexto, os melhoristas têm procurado genótipos que tenham alta produtividade em condições normais de cultivo, e que sejam capazes de manter boa performance mesmo em condições de escassez hídrica. Contudo, a tolerância ao déficit hídrico é um caráter de herança quantitativa, cujas avaliações fenotípicas demandam grande disponibilidade de espaço e recursos, uma vez que, para aumentar a precisão experimental, são realizados ensaios com um número razoável de repetições, sob condições de déficit hídrico e com irrigação plena, em vários locais e anos (EDMEADES et al., 1999; RIBAUT et al., 2009).

Em razão da ampla disponibilidade de marcadores moleculares ao longo do genoma e da redução dos custos de genotipagem em larga escala, tem sido proposta uma abordagem de melhoramento assistido para caracteres de herança quantitativa, conhecida como seleção genômica (*genomic selection*) ou seleção genômica ampla (*genome-wide selection*) (MEUWISSEN et al., 2001). A partir de um modelo genético-estatístico que incorpora simultaneamente as informações de um grande número de marcadores moleculares, a seleção genômica permite determinar os valores genéticos (*breeding values*) dos indivíduos candidatos à seleção, levando em conta dados fenotípicos e genotípicos disponíveis para uma população de treinamento (LORENZ et al., 2013). Por utilizar um grande número de marcadores distribuídos ao longo do genoma, esta abordagem permite considerar, simultaneamente, os efeitos de vários genes, ou regiões cromossômicas, garantindo que grande parte da variância genética seja contabilizada e utilizada para aumentar a acurácia na predição dos valores genéticos de indivíduos presentes nas populações de seleção (MEUWISSEN et al., 2001; HEFFNER et al., 2009; JANNINK et al., 2010; HESLOT et al., 2012). Esta particularidade

do método é importante, principalmente para caracteres quantitativos controlados por vários genes, muitos deles com efeitos fenotípicos individuais reduzidos, como é o caso da tolerância ao déficit hídrico em milho (AGRAMA, MOUSSA, 1996; VELDBOOM; LEE, 1996a, 1996b; RIBAUT et al., 1996, 1997; FROVA et al., 1999; SARI-GORLA et al., 1999; TUBEROSA et al., 2002; VARGAS et al., 2006; RIBAUT; RAGOT, 2007; ALMEIDA et al., 2013, 2014).

Em milho, Ziyomo e Bernardo (2013), utilizando como população de treinamento um conjunto de 283 *test-crosses* de linhagens recombinantes, obtidas a partir do cruzamento entre B73 e Mo17, verificaram que a resposta por ciclo de seleção genômica foi predita como 24% superior à resposta por ciclo de seleção fenotípica direta para produção de grãos em condições de déficit hídrico. Recentemente, Beyene et al. (2015), com base em um estudo realizado para produção de grãos sob déficit hídrico em oito populações biparentais  $F_{2:3}$ , observaram que os híbridos obtidos após dois ciclos de seleção genômica foram 7,3% superiores aos híbridos desenvolvidos via seleção com base em *pedigree*. Esses resultados indicam que a seleção genômica pode ser uma ferramenta útil para reduzir custos com avaliações fenotípicas em programas de melhoramento para tolerância ao déficit hídrico, além de contribuir para o aumento dos ganhos genéticos por unidade de tempo, uma vez que múltiplos ciclos de seleção genômica podem ser conduzidos ao longo de um ano experimental.

Modelos genético-estatísticos multivariados podem ser utilizados para a análise simultânea de dois ou mais caracteres quantitativos, permitindo modelar as correlações genéticas e residuais entre pares de caracteres, o que pode resultar em maiores acurácias de predição quando comparados aos modelos univariados. No entanto, os ganhos em

acurácia são dependentes da magnitude das herdabilidades de cada caráter e das correlações genéticas entre caracteres (MRODE, 2014). Por exemplo, Jia e Jannink (2012), a partir de simulações, verificaram que modelos multivariados de seleção genômica resultaram em uma maior acurácia na predição dos valores genéticos para caracteres de baixa herdabilidade, principalmente quando foram incluídos, no modelo, caracteres de alta herdabilidade correlacionados ao caráter de interesse. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a acurácia de modelos univariados e multivariados para a predição dos valores genéticos em uma população biparental  $F_{2:3}$  de milho avaliada em condições de déficit hídrico, e, também, identificar progênies superiores com base nos valores genéticos preditos.

## Material e Métodos

### Material Genético

A população biparental, composta por 169 progênies  $F_{2:3}$ , foi obtida a partir do cruzamento entre as linhagens L1761121 e L521237 pertencentes ao grupo heterótico *Dent*. A linhagem L1761121 é considerada tolerante ao déficit hídrico, mas apresenta algumas limitações para caracteres agrônômicos que são de grande importância para o desenvolvimento de híbridos comerciais. Por outro lado, a L521237 é considerada sensível ao déficit hídrico, mas é uma linhagem-elite, com alta capacidade geral de combinação para produção de grãos e para outros caracteres de importância agrônômica. A seleção de progênies superiores derivadas deste cruzamento pode permitir o desenvolvimento de linhagens do grupo heterótico *Dent* que agreguem elevada tolerância ao déficit hídrico, em combinação com fenótipos adequados para outros caracteres de importância agrônômica.

## Fenotipagem para Tolerância ao Déficit Hídrico

Os experimentos de tolerância ao déficit hídrico foram conduzidos na Estação Experimental da Embrapa Milho e Sorgo, em Janaúba-MG, nos anos de 2012 e 2013. A área experimental de Janaúba está localizada a 15° 45' de latitude sul, 43° 16' de longitude oeste e 535,37 m de altitude. Foram instalados experimentos em condições de estresse hídrico, nos quais a irrigação foi interrompida 15 dias antes do florescimento por um período de 30 dias, o que permitiu que a água do solo fosse reduzida para uma condição de estresse hídrico durante os estágios de florescimento e enchimento de grãos. Em ambos os anos, os experimentos foram conduzidos no período de maio a outubro, o qual apresenta menor probabilidade de ocorrência de chuvas.

As 169 progênies  $F_{2,3}$  foram avaliadas em cruzamento com um testador do grupo heterótico *Flint*, a linhagem elite L3, gerando 169 híbridos *top-crosses* (TCs) que foram distribuídos em grupos de experimentos, sendo que cada experimento seguiu o delineamento em látice com testemunhas adicionais nas repetições. Desta forma, foram instalados cinco experimentos para avaliar os híbridos TCs: G1, G2, G3, G4 e G5. Os experimentos G1, G2 e G3 foram compostos por 36 diferentes TCs, na estrutura de látice 6x6 com três repetições, e os dois genitores da população  $F_{2,3}$  (L1761121 e L521237) como testemunhas adicionais. O ensaio G4 foi composto por 46 TCs e três híbridos simples experimentais, em látice 7x7 com três repetições, e os dois genitores como testemunhas adicionais. O experimento G5 foi composto por 15 TCs e um híbrido simples experimental, em látice 4x4 com duas repetições, e os dois genitores, como testemunhas adicionais. Em 2012, todos os cinco experimentos (G1, G2, G3, G4 e G5) foram instalados no campo para teste do grupo de híbridos TCs derivados das 169 progênies  $F_{2,3}$  da população biparental. Em

2013, foram avaliados apenas os grupos G1, G2, G3 e G4. Em ambos os anos, os grupos de experimentos foram alocados lado a lado em campo, e os genitores foram considerados como testemunhas e adicionados em cada repetição do delineamento para permitir comparações entre grupos. Cada parcela experimental consistiu de uma fileira de 3,6 m, com 0,8 m entre fileiras e 4 plantas por metro.

Foram avaliados os seguintes caracteres: dias até o florescimento masculino (FM), dias até o florescimento feminino (FF), intervalo em dias entre o florescimento feminino e o masculino (ASI, do inglês *anthesis-silking interval*), altura de planta (AP), número de plantas por parcela (estande, ST), número de espigas por planta (prolificidade, PRO), peso de grãos (PG) por parcela e umidade de grãos. FF foi avaliado como o número de dias, após a semeadura, em que 50% das plantas da parcela apresentaram emissão do estilo-estigma. FM foi avaliado como o número de dias, após a semeadura, em que 50% das plantas da parcela estavam liberando pólen. AP foi avaliado como a média da amostragem de cinco plantas dentro de cada parcela. O peso de grãos por parcela foi corrigido para 13% de umidade e convertido em toneladas por hectare (t/ha).

## Genotipagem via KASP

Para cada progênie  $F_2$ , o DNA genômico foi extraído de acordo com o método CTAB (Saghai-Maroo et al., 1984), seguindo o protocolo descrito em Lana et al. (2010). As progênies  $F_2$  foram genotipadas com marcadores SNP (do inglês, *Single Nucleotide Polymorphism*), a partir da tecnologia KASP (do inglês, *Kompetitive Allele Specific PCR*) pela empresa LGC Genomics (Teddington, Reino Unido).

## Análises Fenotípicas

Para cada caráter, a análise fenotípica foi realizada conjuntamente para os dois anos de avaliação (2012 e 2013), utilizando a

abordagem de modelos mistos, de acordo com o seguinte modelo:

$$y_{ijklm} = \mu + a_j + g_{m(j)} + r_{k(jm)} + b_{l(jkm)} + G_{i(j)} + \varepsilon_{ijklm}$$

em que  $y_{ijklm}$  é o valor fenotípico observado para o genótipo  $i$  na repetição  $k$  do bloco  $l$  no grupo de TCs  $m$  dentro do ano  $j$ ;  $\mu$  é o intercepto;  $a_j$  é o efeito fixo de anos;  $g_{m(j)}$  é o efeito fixo de grupos de TCs dentro do ano  $j$ ;  $r_{k(jm)}$  é o efeito fixo de repetições no grupo de TCs  $m$  dentro do ano  $j$ ;  $b_{l(jkm)}$  é o efeito aleatório de blocos dentro da repetição  $k$  no grupo de TCs  $m$  dentro do ano  $j$ ;  $G_{i(j)}$  é o efeito do genótipo  $i$  no ano  $j$ ; e  $\varepsilon_{ijklm}$  é o efeito residual. O efeito de genótipos foi separado em dois grupos:

$$G_{i(j)} = \begin{cases} t_i + ta_{ij} & i = (1, \dots, n_t) \\ c_i + ca_{ij} & i = (1 + n_t, \dots, n_t + n_c) \end{cases}$$

em que  $t_i$  é o efeito do híbrido *top-cross* derivado da progênie  $i$ , com  $i = (1, \dots, n_t)$ ;  $n_t$  é o número de TCs da população biparental;  $ta_{ij}$  é o efeito da interação entre TCs e anos;  $c_i$  é o efeito da testemunha  $i$ , com  $i = (1 + n_t, \dots, n_t + n_c)$ ;  $n_c$  é o número de testemunhas; e  $ca_{ij}$  é o efeito da interação entre testemunhas e anos. As herdabilidades foram estimadas, considerando os efeitos  $t_i$  e  $ta_{ij}$  como aleatórios, utilizando o procedimento VHERITABILITY do programa Genstat v18 (VSN INTERNATIONAL, 2015), o qual se baseia no método proposto por Cullis et al. (2006). Para a obtenção das médias ajustadas, os efeitos  $t_i$  e  $ta_{ij}$  foram considerados como fixos. Os efeitos  $c_i$  e  $ca_{ij}$  foram considerados como fixos tanto para estimar as herdabilidades quanto para estimar as médias ajustadas para cada híbrido *top-cross*. A variável estande (ST) foi utilizada como covariável nas análises fenotípicas para peso de grãos (PG, t/ha). Foram removidos, do modelo final, os efeitos não significativos ao nível de significância de 5%, considerando o teste de Wald e o LRT (do inglês, *Likelihood Ratio Test*) para os efeitos fixos e aleatórios, respectivamente.

## Análises de Seleção Genômica

Primeiramente, as análises de seleção genômica foram realizadas para cada caráter individualmente, a partir de modelos GBLUP (do inglês, *Genomic Best Linear Unbiased Prediction*) (VANRADEN, 2008) univariados para a predição dos valores genéticos dos TCs. Em seguida, foram ajustados modelos multivariados de seleção genômica, considerando dois caracteres simultaneamente. Em ambos os casos, a matriz do grau de relacionamento genético aditivo entre indivíduos, denominada matriz **A**, foi considerada conforme proposto por Vanraden (2008). Assumiu-se um modelo não estruturado para as matrizes de variância e covariância genética e residual entre caracteres. As acurácias dos modelos univariados e multivariados foram estimadas, a partir da correlação entre os valores genéticos preditos e as médias ajustadas dos TCs, com base em um procedimento *5-fold* de validação cruzada. Neste procedimento, os 169 TCs derivados das progênies da população biparental em cruzamento com o testador (L3) foram aleatoriamente divididos em cinco subconjuntos, sendo que quatro subconjuntos foram utilizados como população de treinamento e um subconjunto como população de validação do modelo de seleção genômica. Assim, os TCs da população de validação foram considerados como não fenotipados e tiveram seus valores genéticos preditos com base no seu relacionamento genético com os TCs da população de treinamento, para os quais foram mantidos os dados fenotípicos. A partir dos modelos GBLUP multivariados, foram estimadas as correlações genéticas aditivas entre pares de caracteres. Todas as análises de seleção genômica foram realizadas no programa ASReml-R (BUTLER et al., 2009), o qual utiliza o método REML (do inglês, *Residual Maximum Likelihood*) para a obtenção dos componentes de variância.

## Resultados e Discussão

Foi obtido um total de 305 marcadores SNP (Tabela 1) via tecnologia KASP, sendo que o número de marcadores por cromossomo variou de 16 (cromossomo 7) a 59 (cromossomo 1).

FM (Tabela 2). A variância do efeito de bloco dentro de repetição dentro de grupo de TCs dentro de ano ( $V_B$ ) foi significativa, ao nível de significância de 5% via LRT, para todos os caracteres (Tabela 2). Os efeitos de ano, grupo de TCs dentro de ano, repetição dentro de grupo de TCs dentro de ano e testemunha

**Tabela 1.** Número de marcadores SNP obtidos via tecnologia KASP por cromossomo do milho.

Cromossomo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Total
Nº de SNPs	59	34	32	35	32	19	16	33	23	22	305

As herdabilidades para os diferentes caracteres variaram de 26,70 a 65,74% para PRO e PG, respectivamente (Tabela 2). A variância dos TCs ( $V_T$ ) foi significativa, ao nível de significância de 5% via LRT, para todos os caracteres avaliados, enquanto a variância da interação entre TCs e anos ( $V_{TA}$ ) foi significativa, ao nível de significância de 5% via LRT, apenas para os caracteres FF e

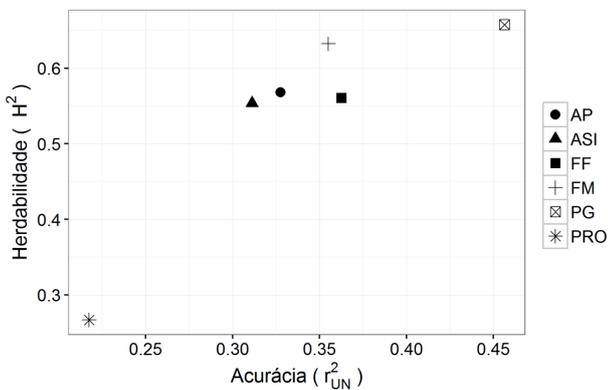
foram significativos, ao nível de significância de 5% via Teste de Wald, para todos os caracteres avaliados, enquanto o efeito da interação entre testemunhas e anos foi significativo, ao nível de significância de 5% via Teste de Wald, apenas para os caracteres ASI e PRO.

**Tabela 2.** Herdabilidades, componentes de variância obtidos a partir das análises fenotípicas para cada caráter e acurácias de predição dos valores genéticos a partir de modelos GBLUP univariados de seleção genômica.

Caráter	$H^2$ (%)	$V_T$	$V_{TA}$	$V_B$	$V_R$	$r^2_{UN}$
AP	56,80	26,09	-	31,06	77,86	0,33
ASI	55,37	0,31	-	0,10	1,03	0,31
FF	56,05	0,74	0,35	0,36	1,51	0,36
FM	63,22	0,47	0,16	0,12	0,71	0,35
PG	65,74	0,30	-	0,22	0,59	0,46
PRO	26,70	$0,86 \times 10^{-3}$	-	$0,66 \times 10^{-3}$	0,01	0,22

$H^2$ : herdabilidade;  $V_T$ : variância dos híbridos *top-crosses* (TCs);  $V_{TA}$ : variância da interação entre TCs e anos;  $V_B$ : variância do efeito de bloco dentro de repetição dentro de grupo de TCs dentro de ano;  $V_R$ : variância residual;  $r^2_{UN}$ : acurácias de predição dos valores genéticos a partir de modelos GBLUP univariados de seleção genômica; AP: altura de plantas (cm); ASI: intervalo entre florescimento feminino e masculino (dias); FF: florescimento feminino (dias); FM: florescimento masculino (dias); PG: peso de grãos (t/ha); PRO: prolificidade (nº de espigas / nº de plantas da parcela); -: não significativo ao nível de significância de 5% via LRT.

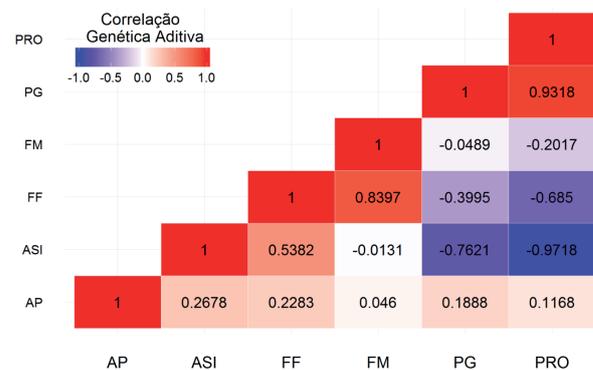
A acurácia de predição dos valores genéticos (Tabela 2), a partir do modelo GBLUP univariado, variou de 0,22 (PRO) a 0,46 (PG). Observou-se que caracteres com maior herdabilidade apresentaram maior acurácia de predição (Figura 1). Neste estudo, os caracteres PRO e PG apresentaram o menor e o maior valor de herdabilidade e o menor e o maior valor de acurácia de predição (Figura 1), respectivamente. A partir de estudos empíricos e de simulação, Combs e Bernardo (2013) também verificaram que, em geral, caracteres de maior herdabilidade apresentaram maior acurácia de predição, quando comparados com caracteres de menor herdabilidade.



**Figura 1.** Relação entre herdabilidade ( $H^2$ ) e acurácia de predição ( $r^2_{UN}$ ) dos valores genéticos para cada caráter a partir de modelos GBLUP univariados de seleção genômica. AP: altura de plantas; ASI: intervalo entre florescimento feminino e masculino, do inglês *anthesis-silking interval*; FF: florescimento feminino; FM: florescimento masculino; PG: peso de grãos (t/ha); e PRO: prolificidade.

As correlações genéticas aditivas (Figura 2), obtidas a partir dos modelos GBLUP multivariados ajustados para cada par de caracteres, variaram entre -0,97, para os caracteres PRO e ASI, e 0,93, para os caracteres PRO e PG. Conforme esperado, os caracteres PG e ASI apresentaram correlação genética aditiva de sinal negativo e elevada magnitude (-0,76), e os caracteres PG e PRO

apresentaram correlação genética aditiva de sinal positivo e elevada magnitude (0,93) (Figura 2). Chapman e Edmeades (1999) relataram valores de -0,89 e 0,94 para as correlações fenotípicas entre PG e ASI e entre PG e PRO, respectivamente, em condições de estresse hídrico. Ziyomo e Bernardo (2013) verificaram que a correlação genética entre PG e ASI foi de -0,79 em condições de estresse hídrico. Resultados semelhantes foram também relatados por Edmeades et al. (1993), Bolaños e Edmeades (1996) e Messmer et al. (2009). Assim, os resultados encontrados no presente trabalho são consistentes com os resultados já relatados em outros estudos.



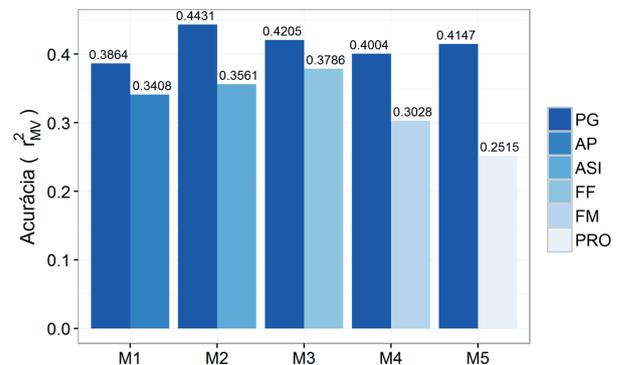
**Figura 2.** Correlações genéticas aditivas obtidas a partir de modelos GBLUP multivariados ajustados para cada par de caracteres. AP: altura de plantas; ASI: intervalo entre florescimento masculino e feminino, do inglês *anthesis-silking interval*; FF: florescimento feminino; FM: florescimento masculino; PG: peso de grãos (t/ha); e PRO: prolificidade.

Modelos GBLUP multivariados de seleção genômica foram ajustados para os seguintes pares de caracteres: i) PG e AP – Modelo M1; ii) PG e ASI – Modelo M2; iii) PG e FF – Modelo M3; iv) PG e FM – Modelo M4; e v) PG e PRO – Modelo M5. Em geral, não foram observados ganhos em acurácia de predição para PG com a utilização dos modelos GBLUP multivariados (Figura 3), quando comparados ao modelo GBLUP univariado ajustado apenas

para PG (Tabela 2). Apesar dos caracteres PG e ASI apresentarem correlação genética aditiva de elevada magnitude (Figura 2), ambos apresentaram de moderada a alta herdabilidade, o que resultou em acurácias de predição para PG muito semelhantes entre o modelo GBLUP univariado ajustado para PG (Tabela 2) e o modelo GBLUP multivariado M2 (Figura 3). Para os caracteres PG e PRO, o modelo GBLUP multivariado M5 (Figura 3) também não apresentou performance superior ao modelo GBLUP univariado (Tabela 2) para a predição dos valores genéticos de PG, uma vez que, apesar de serem altamente correlacionados (Figura 2), o caráter PRO apresentou baixa herdabilidade. Os caracteres PG e FM apresentaram correlação genética aditiva muito baixa, levando a menores acurácias de predição a partir do modelo GBLUP multivariado M4 (Figura 3), quando comparado aos modelos GBLUP univariados ajustados para PG e FM (Tabela 2).

A partir de estudos de simulação, Jia e Jannink (2012) verificaram que os modelos multivariados de seleção genômica podem apresentar performance superior aos modelos univariados, quando caracteres de alta herdabilidade e correlacionados ao caráter de interesse são incluídos para a predição dos valores genéticos de caracteres de baixa herdabilidade. Neste sentido, no presente trabalho foi observado um incremento de 15,63% na acurácia de predição para PRO a partir do modelo GBLUP multivariado M5 (Figura 3), quando comparado ao modelo GBLUP univariado ajustado para PRO (Tabela 2). Esse incremento pode ser em consequência da alta correlação genética aditiva observada entre os caracteres PG e PRO, e da alta herdabilidade observada para PG. Jia e Jannink (2012) também verificaram que a inclusão de caracteres não correlacionados nos modelos multivariados de seleção genômica resulta em uma menor acurácia de predição, quando comparados aos modelos univariados. Esses resultados

estão de acordo com os relatados no presente trabalho.



**Figura 3.** Acurácias de predição ( $r_{UV}^2$ ) dos valores genéticos a partir dos modelos GBLUP multivariados de seleção genômica. M1: modelo GBLUP bivariado ajustado para peso de grãos (PG, t/ha) e altura de plantas (AP); M2: modelo GBLUP bivariado ajustado para PG e intervalo entre florescimento feminino e masculino (ASI, do inglês *anthesis-silking interval*); M3: modelo GBLUP bivariado ajustado pra PG e florescimento feminino (FF); M4: modelo GBLUP bivariado ajustado para PG e florescimento masculino (FM); M5: modelo GBLUP bivariado ajustado para PG e prolificidade (PRO).

Trinta e cinco progênies que apresentaram TCs superiores para PG foram selecionadas com base nos valores genéticos preditos a partir do modelo GBLUP univariado. As médias preditas para os 35TCs das progênies selecionadas, a partir do modelo GBLUP univariado, apresentaram amplitude de variação entre 3,65 e 5,27 t/ha, com média de 4,94 t/ha para PG (Tabela 3), o que representa 10% de ganho de seleção em relação à média predita da população original (4,49 t/ha, Tabela 3). Neste grupo de progênies selecionadas, foram também verificados ganhos genéticos de 23% e 2% para ASI e PRO, respectivamente. Para AP, FM e FF, as médias preditas dos 35TCs das progênies selecionadas para PG (Tabela 3) permaneceram inalteradas em relação às respectivas médias preditas da população original (Tabela 3), como esperado, pois estes caracteres apresentaram correlações de baixa magnitude com PG (Figura 2).

**Tabela 3.** Médias preditas para os 35 top-crosses (TCs) das progênie selecionadas com base em peso de grãos (PG, t/ha) e médias preditas da população original, a partir do modelo GBLUP univariado de seleção genômica.

Progênie	Rank	PG	ASI	AP	FF	FM	PRO
176	1	5,27	-0,5	195	64	65	0,88
130	2	5,24	-0,5	196	63	64	0,89
110	3	5,20	-0,8	195	64	64	0,89
181	4	5,18	-0,7	194	63	64	0,91
170	5	5,17	-0,4	196	63	64	0,90
10	6	5,15	-0,7	193	63	64	0,89
18	7	5,11	-0,3	195	64	64	0,90
4	8	5,07	-0,9	195	63	64	0,91
114	9	5,06	-0,6	190	63	64	0,87
113	10	5,05	-1,2	191	63	64	0,91
36	11	5,00	-0,8	192	63	64	0,90
162	12	4,99	-1,1	193	62	63	0,92
9	13	4,99	-0,4	194	64	64	0,88
77	14	4,94	-0,5	188	64	64	0,86
8	15	4,92	-1,0	199	63	64	0,91
177	16	4,91	-0,6	192	63	64	0,88
165	17	4,90	-0,5	195	64	64	0,89
91	18	4,90	-0,6	188	63	64	0,88
93	19	4,90	-0,4	193	64	64	0,89
89	20	4,89	-0,7	193	63	64	0,89
117	21	4,89	-0,1	194	64	64	0,89
11	22	4,89	-0,7	198	63	64	0,89
41	23	4,86	-0,3	194	64	64	0,87
166	24	4,84	-0,3	197	64	64	0,89
49	25	4,84	-0,9	195	62	63	0,92
115	26	4,84	-0,6	189	63	64	0,87
107	27	4,83	-0,3	192	63	63	0,87
168	28	4,81	-0,6	191	63	63	0,89
85	29	4,80	-0,2	193	64	64	0,86
25	30	4,79	-0,2	192	64	64	0,88
70	31	4,78	-0,7	190	63	64	0,90
55	32	4,77	-0,4	199	63	63	0,91
22	33	4,77	-0,8	192	63	64	0,88
132	34	4,76	-0,6	196	64	65	0,88
178	35	4,76	-0,5	191	64	64	0,86
<b>Média predita dos TCs selecionados</b>	-	4,94	-0,6	193	63	64	0,89
<b>Média predita da população original</b>	-	4,49	-0,5	193	63	64	0,87

AP: altura de plantas (cm); ASI: intervalo entre florescimento feminino e masculino (dias), do inglês *anthesis-silking interval*; FF: florescimento feminino (dias); FM: florescimento masculino (dias); PG: peso de grãos (PG, t/ha); e PRO: prolificidade (n° de espigas / n° de plantas da parcela).

## Conclusões

Em geral, os modelos GBLUP multivariados não resultaram em maiores acurácias de predição para PG, quando comparados ao modelo GBLUP univariado para PG. Isso pode ser explicado pelo fato de os demais caracteres secundários correlacionados a PG (por exemplo, ASI e PRO) terem apresentado herdabilidades com valores inferiores à herdabilidade observada para PG. Além disso, a inclusão de caracteres não correlacionados resultou em menores acurácias de predição para os modelos GBLUP multivariados quando comparados aos respectivos modelos GBLUP univariados. Assim, no presente trabalho, os modelos GBLUP multivariados não foram vantajosos quando comparados ao modelo GBLUP univariado para a predição dos valores genéticos para produtividade de grãos em condições de déficit hídrico.

A seleção das 35 progênies que apresentaram TCs com valores genéticos (preditos com base no modelo GBLUP univariado) superiores para PG resultou em 10% de ganho para este caráter, e, também, em 23% e 2% de ganhos genéticos para ASI e PRO, respectivamente, os quais são caracteres secundários importantes para o melhor desempenho de cultivares de milho em condições de déficit hídrico.

## Referências

- AGRAMA, H. A. S.; MOUSSA, M. E. Mapping QTLs in breeding for drought tolerance in maize (*Zea mays* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 91, p. 89-97, 1996.
- ALMEIDA, G. D.; NAIR, S.; BORÉM, A.; CAIRNS, J.; TRACHSEL, S.; RIBAUT, J. M.; BÄNZIGER, M.; PRASANNA, B. M.; CROSSA, J.; BABU, R. Molecular mapping across three populations reveals a QTL hotspot region on chromosome 3 for secondary traits associated with drought tolerance in tropical maize. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 34, p. 701-715, 2014.
- ALMEIDA, G. D.; MAKUMBI, D.; MAGOROKOSHO, C.; NAIR, S.; BORÉM, A.; RIBAUT, J. M.; BÄNZIGER, M.; PRASANNA, B. M.; CROSSA, J.; BABU, R. QTL mapping in three tropical maize populations reveals a set of constitutive and adaptive genomic regions for drought tolerance. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 126, p. 583-600, 2013.
- BEYENE, Y.; SEMAGN, K.; MUGO, S.; TAREKEGNE, A.; BABU, R.; MAISEL, B.; SEHABIAGUE, P.; MAKUMBI, D.; MAGOROKOSHO, C.; OIKEH, S.; GAKUNGA, J.; VARGAS, M.; OLSEN, M.; PRASANNA, B. M.; BÄNZIGER, M.; CROSSA, J. Genetic gains in grain yield through genomic selection in eight biparental maize populations under drought stress. **Crop Science**, Madison, v. 55, p. 154-163, 2015.
- BOLAÑOS, J.; EDMEADES, G. O. The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 48, p. 65-80, 1996.
- BUTLER, D. G.; CULLIS, B. R.; GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J. **ASReml-R reference manual (Release 3)**. Hempstead: VSN International, 2009.
- CHAPMAN, S. C.; EDMEADES, G. O. Selection improves drought tolerance in tropical maize populations: II. Direct and correlated responses among secondary traits. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 1315-1324, 1999.
- COMBS, E.; BERNARDO, R. Accuracy of genomewide selection for different traits with constant population size, heritability, and number of markers. **Plant Genome** v. 6, p. 1-7, 2013.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira:** grãos: primeiro levantamento: safra 2016/17: outubro, 2016. Brasília, DF, 2016. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16\\_10\\_21\\_15\\_32\\_09\\_safra\\_outubro.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_10_21_15_32_09_safra_outubro.pdf)>. Acesso em: 13 set. 2016.

Cullis, B. R.; Smith, A.; Coombes, N. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, Alexandria, v. 11, p. 381-393, 2006.

EDMEADES, G. O.; BOLAÑOS, J.; CHAPMAN, S. C.; LAFITTE, H. R.; BÄNZIGER, M. Selection improves drought tolerance in tropical maize populations: I. Gains in biomass, grain yield, harvest index. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 1306-1315, 1999.

Edmeades, G. O.; Bolaños, J.; Hernandez, M.; Bello, S. Causes for silk delay in a lowland tropical maize population. **Crop Science**, Madison, v. 33, p. 1029-1035, 1993.

FROVA, C.; KRAJEWSKI, P.; DI FONZO, N.; VILLA, M.; SARIGORLA, M. Genetic analysis of drought tolerance in maize by molecular markers: I. Yield components. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 99, p. 280-288, 1999.

HEFFNER, E. L.; SORRELLS, M. E.; JANNINK, J. L. Genomic selection for crop improvement. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1-12, 2009.

HESLOT, N.; YANG, H. P.; SORRELLS, M. E.; JANNINK, J. L. Genomic selection in plant breeding: a comparison of models. **Crop Science**, Madison, v. 52, p. 146-160, 2012.

JANNINK, J. L.; LORENZ, A. J.; IWATA, H. Genomic selection in plant breeding: from theory to practice. **Briefings in Functional Genomics**, v. 9, n. 2, p. 166-177, 2010.

JIA, Y.; JANNINK, J. L. Multiple-trait genomic selection methods increase genetic value prediction accuracy. **Genetics**, Austin, v. 192, p. 1513-1522, 2012.

LANA, U. G. de P.; GOMES, P. C.; TINOCO, C. F. da S.; OLIVEIRA, B. C. F. S.; GUIMARAES, C. T.; MAGALHAES, J. V. de; OLIVEIRA, B. C. F. S. **Procedimento da Embrapa Milho e Sorgo para extração de DNA de tecido vegetal em larga escala**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010. 19 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 104).

LORENZ, A. J. Resource allocation for maximizing prediction accuracy and genetic gain of genomic selection in plant breeding: a simulation experiment. **G3 - Genes, Genomes, Genetics**, v. 3, p. 481-491, 2013.

Messmer, R.; Fracheboud, Y.; Bänziger, M. Drought stress and tropical maize: QTL-by-environment interactions and stability of QTLs across environments for yield components and secondary traits. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 119, p. 913-930, 2009.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps. **Genetics**, Austin, v. 157, p. 1819- 1829, 2001.

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 3rd ed. Boston: CABI, 2014.

RIBAUT, J. M.; BETRAN, J.; MONNEVEUX, P.; SETTER, T. Drought tolerance in maize. In: BENNETZEN, J. L.; HAKE, S. C. (Ed.) **Handbook of maize: its biology**. New York: Springer, 2009. p. 311-344.

RIBAUT, J. M.; RAGOT, M. Marker-assisted selection to improve drought adaptation in maize: the backcross approach, perspectives, limitations, and alternatives. **Journal of**

**Experimental Botany**, Oxford, v. 58, p. 351-360, 2007.

RIBAUT, J. M.; JIANG, C.; DE LEON GONZALEZ, D.; EDMEADES, G. O.; HOISINGTON, D. A. Identification of quantitative trait loci under drought conditions in tropical maize: II. Yield components and marker-assisted selection strategies. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 94, p. 887-896, 1997.

RIBAUT, J. M.; HOISINGTON, D. A.; DEUTSCH, J. A.; JIANG, C.; DE LEON GONZALEZ, D. Identification of quantitative trait loci under drought conditions in tropical maize. I. Flowering parameters and the anthesis-silking interval. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 174, p. 165-177, 1996.

Saghai-Maroo, M. A.; Soliman, K. M.; Jorgensen, R. A.; Allard, R. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 81, p. 8014-8018, 1984.

SARI-GORLA, M.; KRAJEWSKI, P.; DI FONZO, N.; VILLA, M.; FROVA, C. Genetic analysis of drought tolerance in maize by molecular markers. II. Plant height and flowering. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 99, p. 289-295, 1999.

TUBEROSA, R.; SANGUINETI, M. C.; LANDI, P.; GIULIANI, M. M.; SALVI, S.; CONTI, M. Identification of QTLs for root characteristics in maize grown in hydroponics and analysis of their overlap with QTLs for grain yield in the field at two water regimes. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 48, p. 697-712, 2002.

VanRaden, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 4414-4423, 2008.

VARGAS, M.; VAN EEUWIJK, F. A.; CROSSA, J.; RIBAUT, J. M. Mapping QTLs and QTL x environment interaction for CIMMYT maize drought stress program using factorial regression and partial least squares methods. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 112, p. 1009-1023, 2006.

VELDBOOM, L. R.; LEE, M. Genetic mapping of quantitative trait loci in maize in stress and non stress environments: I. Grain yield and yield components. **Crop Science**, Madison, v. 36, p. 1310-1319, 1996a.

VELDBOOM, L. R.; LEE, M. Genetic mapping of quantitative trait loci in maize in stress and non stress environments. II. Plant height and flowering. **Crop Science**, Madison, v. 36, p. 1320-1327, 1996b.

VSN INTERNATIONAL. **GenStat Reference Manual (Release 18)**. Hempstead, 2015.

ZIYOMO, C.; BERNARDO, R. Drought tolerance in maize: indirect selection through secondary traits versus genomewide selection. **Crop Science**, Madison, v. 53, p. 1269-1275, 2013.

**Circular  
Técnica, 223**

Exemplares desta edição podem ser adquiridos na:  
**Embrapa Milho e Sorgo**  
**Endereço:** Rod. MG 424 km 45 Caixa Postal 151  
CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG  
**Fone:** (31) 3027 1100  
**Fax:** (31) 3027 1188  
[www.embrapa.br/fale-conosco](http://www.embrapa.br/fale-conosco)  
**1ª edição**  
**Versão Eletrônica (2016)**

MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA, PECUÁRIA  
E ABASTECIMENTO

**Comitê de  
publicações**

**Presidente:** Presidente: Sidney Netto Parentoni.  
**Secretário-Executivo:** *Elena Charlotte Landau.*  
**Membros:** *Antonio Cláudio da Silva Barros,  
Cynthia Maria Borges Damasceno, Maria Lúcia  
Ferreira Simeone, Monica Matoso Campanha,  
Roberto dos Santos Trindade e Rosângela Lacerda  
de Castro.*

**Expediente**

**Revisão de texto:** *Antonio Cláudio da Silva Barros.*  
**Normalização bibliográfica:** *Rosângela Lacerda de  
Castro.*  
**Tratamento das ilustrações:** *Tânia Mara A. Barbosa.*  
**Editoração eletrônica:** *Tânia Mara A. Barbosa.*