



UNIVERSIDADE EM TRANSFORMAÇÃO: INTEGRALIZANDO SABERES E EXPERIÊNCIAS

2 A 6 DE SETEMBRO/2019



Marque a opção do tipo de trabalho que está inscrevendo:

() Resumo () Relato de Experiência () Relato de Caso

MODELOS DE SIMULAÇÃO DE CULTURAS BASEADOS EM GENES.

AUTOR PRINCIPAL: Fábio Augusto Antunes de Oliveira.

CO-AUTORES: Carlos Amaral Hölbig, José Maurício Cunha Fernandes, Gerrit Hoogenboom, James W. Jones

ORIENTADOR: Willingthon Pavan

UNIVERSIDADE: Universidade de Passo Fundo

INTRODUÇÃO

Modelos de culturas baseados em genes são modelos que utilizam a informação genética para prever determinadas características da planta em condições específicas, assim como o uso de informações genéticas para melhorar a compreensão e controle de processos genéticos na planta. A maioria dos modelos de culturas já desenvolvidos são baseados em simulação de processos biofísicos, os quais têm como objetivo a predição do crescimento e desenvolvimento de uma cultura (HWANG et al., 2017). Entretanto, o uso de informações genéticas promete melhorar a simulação e o controle dos processos fisiológicos da planta.

Deste modo, neste trabalho, é abordado um estudo sobre a integração entre um modelo baseado em genes, proposto por Bhakta et al. (2017), e o modelo biofísico CROPGRO-Bean, desenvolvido por Hoogenboom et al. (1994), com o objetivo de prever o tempo da primeira flor no feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), a partir da informação genética sobre as condições do ambiente.

DESENVOLVIMENTO:

Um dos motivos de integrar informações genéticas de uma planta em modelos de simulação, se dá pelo avanço das tecnologias para identificação de genes associados a características fenotípicas e também das interações desses genes sobre as mudanças



UNIVERSIDADE EM TRANSFORMAÇÃO: INTEGRALIZANDO SABERES E EXPERIÊNCIAS

2 A 6 DE SETEMBRO/2019



do ambiente. Porém, apesar desses avanços, existe ainda uma falta de estudos na abordagem da interação da informação genética (G - Genetics) e ambiente (E - Environment). Segundo Boote et al. (2013), rotinas específicas que modelam processos biológicos podem ser modificadas para incorporar os efeitos de G x E em processos específicos, sem precisar alterar outros processos dentro de um modelo de culturas.

Para realizar a interação entre G x E, utilizou-se dois modelos de simulação de feijão. O primeiro modelo é baseado em genes, desenvolvido por Bhakta et al. (2017) que em seu estudo identificou as características significativas (representado pelos QTLs), utilizando um modelo estatístico linear que controlam o tempo da primeira floração e as condições que interagem com o ambiente. Nesse modelo utilizou-se o cruzamento de uma população biparental, resultando em 188 genótipos/RILs em cinco localizações distintas.

O segundo modelo, chamado CROPGRO-Bean, presente na plataforma do DSSAT, simula o crescimento e desenvolvimento de feijão. Seu funcionamento incorpora parâmetros de solo, clima, cultivar e manejo da cultura, para simular as condições do ambiente. Os parâmetros da cultivar são específicos para estimar e representar efeitos genéticos. Porém, não possui ligação com informação genética para controlar os processos fisiológicos nos estádios de crescimento e desenvolvimento.

No modelo baseado em genes, são utilizados dados climáticos (Comprimento do dia, temperatura, radiação solar) e também 12 QTLs para representar a informação genética. Os dados de entrada se relacionam por meio de um modelo estatístico linear, de passo diário, que representam as relações que controlam o aparecimento da primeira flor.

Já o modelo CROPGRO-Bean, possui uma estrutura distribuída em módulos. Os dados de entrada são utilizados pelo módulo de crescimento e desenvolvimento da planta, para calcular cada estágio fenológico de maneira independente, com ênfase, no estágio da primeira floração, baseado nos processos fisiológicos. Deste modo, é possível substituir o cálculo do estágio da primeira floração e integrar informações genéticas do modelo baseado em genes, para prever o tempo do aparecimento da primeira flor no modelo CROPGRO-Bean.

CONSIDERAÇÕES FINAIS:

Os resultados confirmam que os processos de controle dos estádios fenológicos no CROPGRO-Bean podem ser substituídos e integrados pela informação genética da planta. Deste modo, a integração entre os modelos representam as interações G x E, possibilitando determinar a primeira floração, por meio de efeitos genéticos, podendo, esta técnica, ser estendida para outros módulos do sistema.



UNIVERSIDADE EM TRANSFORMAÇÃO: INTEGRALIZANDO SABERES E EXPERIÊNCIAS

2 A 6 DE SETEMBRO/2019



REFERÊNCIAS

BHAKTA, M. S. et al. A predictive model for time-to-flowering in the common bean based on qtl and environmental variables. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, v. 7, n. 12, p. 3901–3912, 2017.

BOOTE, K.J. et al. Putting mechanisms into crop production models. *Plant Cell Environ.* 36 (9):1658–1672, 2013.

HOOGENBOOM, G. et al. BEANGRO: A process-oriented dry bean model with a versatile user interface. *Agon. J.* 86 (1), 186–190, 1994.

HWANG, C. et al. Next generation crop models: A modular approach to model early vegetative and reproductive development of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Agricultural Systems*, v. 155, p. 225 – 239, 2017. ISSN 0308-521X.

NÚMERO DA APROVAÇÃO CEP OU CEUA (para trabalhos de pesquisa): Número da aprovação. SOMENTE TRABALHOS DE PESQUISA

ANEXOS

Aqui poderá ser apresentada **somente UMA página com anexos** (figuras e/ou tabelas), se necessário.