



VALTER JÁRIO DE LIMA

**Programa de Pós-Graduação
em Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento de
Plantas**

CONTATO:

valter_jario@pq.uenf.br

<http://lattes.cnpq.br/1224181262801361>

EMAIL:

valter_jario@hotmail.com

Valter Jário de Lima

OutrosFAPERJ

E_25/2021 - PÓS-DOUTORADO NOTA 10 - 2021

Colaborador da(s) disciplina(s): Pós-Graduação:

MGV3723 - Fenotipagem de Alto Rendimento em Plantas

GMP3897 - Estudo Dirigido I - Melhoramento genético de plantas sob condições de deficiência hídrica

Graduação:

MGV03506 - Fenotipagem de Alto Rendimento em Plantas

Eficiência no uso do fósforo em milho-pipoca: morfofisiologia adaptativa, base genética e proteômica comparativa

O emprego de genótipos eficientes no uso do fósforo (EUP) é uma alternativa promissora para aumentar o rendimento dos cultivos sob condição de limitação deste nutriente. Esta é uma medida eficaz tanto em solos em que a deficiência de fósforo (P) é uma limitação primária para o cultivo, quanto em solos em que mesmo com a aplicação de fertilizantes a disponibilidade de P é baixa, devido à sua pouca mobilidade e alta afinidade pelas partículas do solo. Entretanto, a obtenção de genótipos EUP requer um conhecimento profundo dos mecanismos adaptativos e genéticos relacionados ao estresse, para assim, identificar as características e os métodos mais apropriados de seleção para a cultura sob melhoramento. Isto posto, o objetivo deste trabalho é caracterizar quatro linhagens de milho-pipoca e seus respectivos cruzamentos (híbridos F1 e recíprocos) no âmbito morfológico, fisiológico e proteômico. Ademais, busca-se elucidar os mecanismos envolvidos na EUP em milho-pipoca, bem como a base genética e as relações destas características com a heterose. Serão avaliadas as trocas gasosas foliares, o índice estomático, as medidas de crescimento e biomassa, os pigmentos foliares, a transpiração cumulativa, as características radiculares em seções de solo, espaçadas em 30 cm, a quantificação do P na planta e estimada a EUP, que também será particionada em eficiência de absorção e de utilização. A proteômica comparativa será realizada com os tecidos foliares e radiculares dos dois híbridos mais contrastantes para EUP e seus genitores. A extração proteica dar-se-á pelo protocolo TCA/cetona. A interpretação funcional será realizada utilizando o software OmicsBox. Por fim, almeja-se obter novas informações sobre os mecanismos adaptativos e a expressão de proteínas associadas à EUP e, assim, fazer melhor uso da heterose em milho-pipoca, bem como, indicar características para seleção de genótipos mais EUP.

Phosphorus use efficiency in popcorn: adaptive morphology, genetic basis, and comparative proteomics

Employing phosphorus use efficient (EUP) genotypes is a promising alternative to increase yield of crops under phosphorus (P) limiting conditions. This could be effective either in soils where P deficiency is a primary limitation for cultivation or in soils where even after P application, the availability of P is low, due to its low mobility and high binding tightly to soil particles. However, obtaining EUP genotypes requires deep knowledge of the adaptive and genetic mechanisms related to stress, in order to identify the most appropriate traits and selection methods for breeding programs. Having said that, this work aims to characterize four popcorn inbred lines and their respective crosses (F1 hybrids and reciprocals) in morphological, physiological, and proteomic scopes. Furthermore, we seek to elucidate the mechanisms involved in EUP in popcorn, the genetic basis, and the relationship of these traits with heterosis. We will evaluate leaf gas exchange, stomatal index, growth and biomass measurements, leaf pigments, cumulative transpiration, root traits in soil sections (spaced at 30 cm), quantification of P in the plant, and calculations to estimate EUP, which will also be split into uptake and utilization efficiencies. Comparative proteomics will be performed with leaf and root tissues of the two most contrasting hybrids for EUP and its genitors. Protein extraction will be carried out by the TCA/ketone protocol. Functional interpretation will be performed using the OmicsBox software. Lastly, we aim to obtain new insights on the adaptive mechanisms and expression of EUP-associated proteins and thus make better use of heterosis in popcorn, as well as indicate traits for selection of EUP genotypes.