

ANÁLISE DOS DADOS MOLECULARES GENOTIPADOS VIA GBS DA POPULAÇÃO RIL DE ARROZ PARA UMA POSTERIOR ANÁLISE DE QTL

Daniany Rodrigues Adorno Silva¹; Tereza Cristina de Oliveira Borba²; Ana Letycia Basso Garcia³; Gabriel Feresin Pantalhão⁴; Claudio Brondani².

¹Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFG/Goiânia-GO/Brasil. Bolsista CAPES – e-mail: daniany.rodrigues@gmail.com; ²Pesquisadores - Embrapa Arroz e Feijão – Santo Antônio de Goiás-GO/Brasil; ³Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFG/Goiânia-GO/Brasil. Bolsista CAPES; ⁴Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFG/Goiânia-GO/Brasil. Bolsista CAPES.

O arroz (*Oryza sativa*) é um alimento básico para a maioria da população mundial, sendo que um dos principais desafios dos programas de melhoramento desta cultura é o aumento dos patamares de produtividade. A necessidade por este aumento é motivada pelo crescimento populacional e redução ou degradação de áreas tradicionais de cultivo. Para o desenvolvimento de linhagens e cultivares que possuam potencial produtivo superior em relação às atuais, é necessário que sejam identificados e incorporados alelos superiores em genitores dos programas de melhoramento. Uma das alternativas para a identificação de tal variabilidade genética é a realização de cruzamentos amplos e a condução de análises moleculares em populações segregantes. Uma estratégia bastante utilizada para o estudo dessas populações é a análise de QTL, que envolve a genotipagem e a fenotipagem de cada indivíduo da progênie. O objetivo desse trabalho consiste na análise e filtragem dos dados de marcadores SNPs obtidos pela genotipagem por sequenciamento (GBS) provinda da população RIL (linhas puras recombinantes) em estudo, com o intuito de obter apenas marcadores SNPs polimórficos para uma posterior análise de QTL para produtividade em arroz. Nesse estudo foram avaliadas 282 RILs (F7) derivadas do cruzamento inter-subespecífico Epagri 108 (Indica) x Irat 122 (Japônica). Em experimento conduzido na Embrapa Arroz e Feijão, analisaram-se os dias até a floração e altura de planta (cm). A média da floração das RILs foi de 97,85 dias após o plantio, este resultado indica médias inferiores à dos genitores que foram de 99,83 dias após o plantio. A média para altura de plantas das RILs foi de 113,94 cm, valor superior à média dos genitores, que foi de 99,13 cm. A genotipagem das RILs, realizada via GBS, identificou 93.795 marcadores SNPs. Quando filtrados considerando-se um *call rate* > 70%, frequência alélica mínima de 5% e eliminados marcadores em desequilíbrio de ligação (programa GoldenHelix), foram selecionados 9.330 SNPs polimórficos. Através de uma análise de coordenadas principais verificou-se que não houve formação de subgrupos dentro da população, comprovando que de fato as RILs foram derivadas de cruzamentos e sucessivas autofecundações. Sendo, porém, 25 RILs eliminadas, pois apresentavam uma porcentagem maior que 30% de dados faltantes dos marcadores SNPs. No momento, estão sendo estruturados os dados derivados das avaliações para produtividade e peso de cem grãos, os quais também serão utilizados para as análises de mapeamento de QTLs. Além da identificação de RILs com desempenho fenotípico superior para produtividade, espera-se identificar marcadores SNPs associados aos caracteres mensurados, e consequentemente, desenvolver marcadores para seleção assistida ou seleção genômica para uso do programa de melhoramento genético do arroz da Embrapa.

Palavras-chave: QTL; SNPs; produtividade de grão; *Oryza sativa*.

Apoio Financeiro: CNPq e CAPES (bolsistas D.R.A.; A.L.B.G e G.F.P.)