

## **Análise de QTL para produtividade baseada em linhas puras recombinantes de arroz**

*Daniany Rodrigues Adorno Silva<sup>1</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>2</sup>, João Antônio Mendonça<sup>3</sup>, Antônio Carlos Centeno Cordeiro<sup>3</sup>, Claudio Brondani<sup>4</sup>*

O arroz é um alimento básico para a maioria da população mundial. Para o desenvolvimento de linhagens e cultivares superiores é necessário que sejam identificados e incorporados alelos superiores em genitores dos programas de melhoramento. Uma das alternativas para a identificação da variabilidade genética útil é a realização de cruzamentos envolvendo genitores pouco aparentados e a genotipagem e fenotipagem de populações segregantes derivadas desses cruzamentos, com uma posterior análise de QTL. Este trabalho teve por objetivo identificar genes associados à produtividade por meio da genotipagem por sequenciamento e uma posterior análise de QTL. Neste estudo foram genotipadas e fenotipadas 232 RILs derivadas do cruzamento inter-subespecífico Epagri 108 (indica) x IRAT 122 (japonica) em dois locais (Goiânia-GO e Boa Vista-RR). Para a análise de QTL foram mapeados 2.382 marcadores SNPs, os quais identificaram 15 QTLs para produtividade, todos localizados no cromossomo 6, sendo oito QTLs para o experimento de Goiânia e sete para o de Boa Vista. O maior número de QTL foi obtido na região com maior variância genética (Goiânia) e o menor número na região com menor variância genética (Boa Vista), confirmando a relação da magnitude da variância genética com o número de QTLs mapeados. As proporções das variâncias fenotípicas variaram de 6% a 29% para Goiânia, classificado como QTL de grande efeito, e 0,01% a 5,39% na região de Boa Vista. Foram feitas também análises para o peso de 100 grãos para a região de Goiânia, encontrando seis QTL, cinco destes encontram-se na mesma posição daqueles localizados para produtividade, classificados como de efeitos pleiotrópicos, e outro QTL localizado no cromossomo 12. As proporções da variância fenotípica variaram de 5% a 7%. Foram identificados vários QTLs de pequeno e grande efeito, os quais, se validados em estudo posterior de genotipagem, utilizando um conjunto de genótipos de background genético mais amplo, poderão ser utilizados no programa de melhoramento para a seleção assistida de linhagens com maior potencial produtivo.

<sup>1</sup> Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, daniany.rodrigues@gmail.com

<sup>2</sup> Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

<sup>3</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Roraima, Boa Vista, RR, antonio.cordeiro@embrapa.br

<sup>3</sup> Mestre em Agronomia, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

<sup>4</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br