

Cluster de QTL para Altura e Produtividade Mapeado no Cromossomo 1 de Arroz em Múltiplos Ambientes⁽¹⁾

Daniany Rodrigues Adorno Silva², Adriano Pereira de Castro³, Antônio Carlos Centeno Cordeiro⁴, Daniel Fernandez Franco⁵, Francisco Pereira Moura Neto⁶, Rosana Pereira Vianello⁷, João Antônio Mendonça⁸ e Claudio Brondani⁹

¹ Pesquisa financiada pelo SEG/Embrapa.

² Engenheira-agrônoma, doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Roraima, Boa Vista, RR

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Sistemas de Produção Agrícola Familiar, pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS

⁶ Engenheiro-agrônomo, mestre em Fitotecnia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁷ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁸ Biólogo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, assistente da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁹ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - Muitos caracteres agronômicos de espécies cultivadas são controlados por múltiplos genes e sofrem forte efeito ambiental. Como a altura de plantas é um caráter que tem direta influência na arquitetura de plantas e produtividade de grãos de arroz (*Oryza sativa* L.), a compreensão do controle genético é essencial para o melhoramento de cultivares de arroz. Diante disso, o objetivo deste estudo foi a identificação de marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) por meio da análise de QTLs (*Quantitative Trait Locus*), associados aos caracteres produtividade de grãos, peso de 100 grãos e altura de plantas. Foram avaliadas 245 linhas puras recombinantes (RILs - *Recombinante Inbred Lines*) provenientes do cruzamento Epagri 108 (grupo indica) x IRAT 122 (grupo japônica). As avaliações fenotípicas foram realizadas em três ambientes: Goianira, GO (16° 30' 23" S, 49° 17' 01" W e altitude média de 821 m); Boa Vista, RR (2° 45' 25" N, 60° 43' 52" W e altitude média de 83 m); e Pelotas, RS (31° 40' 49" S, 52° 26' 23" W e altitude média de 61 m). O delineamento experimental utilizado foi o Látice quadrado 16 x 15 com duas repetições e área útil de 1,2 m², com o manejo da cultura adequado para o sistema de cultivo inundado. Para a análise estatística dos experimentos utilizou-se o programa R. As RILs foram genotipadas por marcadores SNPs derivados das metodologias *DARTseq* e *GBS*. Utilizando o software *cM converter*, foi construído um mapa genético estimado em 1.592,08 cM. Por intermédio do mapeamento por intervalo múltiplo, realizado pelo programa *R/qtl*, foram identificados 22 QTLs para os três caracteres avaliados nos três ambientes onde foram conduzidos os experimentos de campo, e um total de 14 QTLs exibindo interação ambiental. Dentre esses QTLs identificados, uma região *hotspot* para altura de plantas foi comum em todos os ambientes avaliados. Essa região está localizada no cromossomo 1 (*qPTHT1*) com alta significância estatística e com uma porcentagem fenotípica explicada por esse QTL, variando entre os ambientes de 18,5% a 69,4%. O *qPTHT1* também foi relacionado com um QTL para produtividade de grãos (*qGYLD1.2*) no ambiente de Goianira, GO, indicando ser um possível cluster de QTLs para os caracteres altura e produtividade. O bloco de ligação onde esse cluster de QTL se encontra possui um tamanho de aproximadamente 2 Mpb, com 297 genes identificados. Os marcadores SNPs que cosegregam com esse bloco de ligação serão inicialmente validados e posteriormente utilizados em *screening* de genitores para a obtenção de linhagens mais produtivas para o programa de melhoramento genético de arroz.