

# Identificação de Variantes Alélicas em Backgrounds Genéticos Multiparentais para Caracteres Associados com a Produtividade de Grãos em Arroz<sup>(1)</sup>

*Daniany Rodrigues Adorno Silva<sup>2</sup>, Adriano Pereira de Castro<sup>3</sup>, Antônio Carlos Centeno Cordeiro<sup>4</sup>, Daniel Fernandez Franco<sup>5</sup>, Francisco Pereira Moura Neto<sup>6</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>7</sup>, João Antônio Mendonça<sup>8</sup> e Claudio Brondani<sup>9</sup>*

<sup>1</sup> Pesquisa financiada pelo SEG/Embrapa.

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

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

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

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

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

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

<sup>8</sup> Biólogo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, assistente em pesquisa da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

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

**Resumo** - A base genética dos locos de caracteres quantitativos foi dissecada convencionalmente pelo mapeamento QTL em populações segregantes derivadas de cruzamentos biparentais. Uma forma de aumentar o poder de detecção de alelos raros é através da utilização de populações multiparentais. O objetivo deste estudo foi identificar QTLs estáveis entre ambientes e backgrounds genéticos, através da utilização de quatro populações NAM (nested association mapping) de arroz. Essas populações foram constituídas por: Irat 122 x Epagri 108 (Pop1), Irat 122 x Araguaia (Pop2), Araguaia x Maninjau (Pop3) e Maninjau x Epagri 108 (Pop4). As populações NAM foram: NAM1 (Pop1 x Pop2), NAM2 (Pop1 x Pop4), NAM3 (Pop2 x Pop3) e NAM4 (Pop3 x Pop4), totalizando 449, 538, 450 e 539 RILs, respectivamente. As populações foram avaliadas em dois locais (Roraima e Goiás). Os caracteres fenotípicos foram produtividade, altura e florescimento. As RILs foram genotipadas por marcadores SNPs. Identificou-se 84 QTLs e um total de 36 QTLs exibiram interação ambiental, sendo que duas regiões cromossômicas apresentaram QTLs clusters, a primeira próxima de 170 cM no cromossomo 1, e a segunda próxima de 10 cM no cromossomo 8. Esses dois clusters de QTLs tiveram seus efeitos associados aos três caracteres avaliados e populações NAMs, mostrando serem blocos em desequilíbrio de ligação candidatos, onde serão identificadas as mudanças no genoma estrutural relacionadas com os fenótipos favoráveis. O resultado é bastante significativo por identificar blocos gênicos que foram selecionados ao longo de gerações de seleção pelo melhoramento genético e será utilizado para a incorporação de variabilidade genética durante o melhoramento de cultivares de arroz.