

## Análise de QTLs para produtividade baseada em linhas puras recombinantes de arroz

Daniany Rodrigues Adorno<sup>1</sup>, Gabriel Feresin Pantalão<sup>2</sup>, Ivanildo Ramalho do Nascimento Júnior<sup>3</sup>, João Antônio Mendonça<sup>4</sup>, Claudio Brondani<sup>5</sup>

O arroz (*Oryza sativa*) é um alimento básico para a maioria da população mundial, sendo que o aumento da produtividade tem se tornado um importante desafio presente nos programas de melhoramento genético do arroz motivado 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 cultivares comerciais é necessário que sejam identificados e incorporados alelos superiores e suas combinações no pool gênico presente nos genitores dos programas de melhoramento de arroz. Uma das alternativas para incorporar essa variabilidade genética útil é a realização de cruzamentos amplos e a condução de análises moleculares nas populações segregantes derivadas desses cruzamentos. Uma estratégia bastante utilizada para essa finalidade é a análise de QTLs (quantitative trait loci), que envolve a genotipagem e a fenotipagem de cada indivíduo da progênie. O objetivo desse trabalho consiste na localização de genes e combinações alélicas associados à produtividade em arroz por meio da genotipagem de alta resolução por marcadores SNPs, obtidos por genotipagem por sequenciamento (GBS) e posterior análise de QTLs. Nesse estudo estão sendo genotipadas e avaliadas a campo 289 RILs (linhas puras recombinantes) derivadas do cruzamento inter-subespecífico Epagri 108 (*Indica*) x Irat 122 (*Japonica*). Ao final desse trabalho, que ainda está na fase de obtenção de dados, espera-se identificar alelos e combinações de alelos superiores que aumentem o potencial produtivo de linhagens e cultivares do programa de melhoramento genético de arroz da Embrapa. Essas combinações poderão ser identificadas em cruzamentos adicionais por meio de uma estratégia de seleção assistida baseada nos marcadores SNPs identificados.

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

<sup>2</sup> Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Goiás. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gabrielferesin@hotmail.com

<sup>3</sup> Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Estadual Paulista. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, ivanildoramalho@gmail.com

<sup>4</sup> Técnico A da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

<sup>5</sup> Engenheiro agrônomo, Doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br