

Identificação de Major QTLs para Produtividade em Arroz por Experimentos Multilocais e Genotipagem DArTseq⁽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 em pesquisa 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 - Diante da perspectiva das mudanças climáticas, do rápido crescimento populacional e da diminuição da área destinada à agricultura, o aumento da produtividade de grãos pode ser considerado um grande desafio para os programas de melhoramento genético de arroz. O objetivo deste estudo foi a identificação de marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) relacionados com a produtividade de grãos e peso de 100 grãos em populações de linhas puras recombinantes (RILs - Recombinante Imbred Lines) de arroz. Para isso, estão sendo realizadas análises de QTL (Quantitative Trait Locus) em duas populações RILs, uma proveniente do cruzamento Epagri 108 (grupo indica) x IRAT 122 (grupo japonica) e a outra derivada do cruzamento IRAT 122 (grupo japonica) x Araguaia (grupo japonica), avaliadas 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), com o intuito de identificar e comparar QTLs para esses caracteres, que possuam o genitor IRAT 122 em comum. Foram realizadas análises fenotípicas e genotípicas para 253 e 230 RILs de cada população, respectivamente. Na análise fenotípica, o delineamento experimental utilizado foi o Látice quadrado 16 x 15 com duas repetições, com o manejo da cultura sob o sistema inundado. A população RIL do cruzamento Epagri 108 x IRAT 122 identificou 4.217 marcadores SNPs, enquanto para o cruzamento IRAT 122 x Araguaia foram obtidos 3.192 SNPs. Por meio do pacote One Map, disponível para o programa R, foi obtido um mapa genético estimado em 1.745,12 cM. O mapa de QTLs do cruzamento Epagri 108 x IRAT 122 para o experimento de Goianira identificou uma região hotspot de QTLs no cromossomo 6 com alta significância estatística para produtividade de grãos. Considerando somente um marcador SNP desse hotspot, cujo alelo favorável Timina (T) foi proveniente do parental IRAT 122, observou-se que as dez RILs mais produtivas são homocigotas T/T, enquanto as dez menos produtivas são homocigotas para o alelo desfavorável Guanina (G/G). O efeito estimado da presença do SNP T em homocigose equivaleu a um incremento de 412,71 kg ha⁻¹, explicando uma variação fenotípica mínima de 6% para esse caráter. A segunda análise de QTLs, utilizando as RILs do cruzamento IRAT 122 x Araguaia, permitirá verificar se o hotspot é realmente um major QTL, ou seja, continuaria contribuindo para explicar a variação fenotípica para o caráter, independentemente do background genético, uma vez que o alelo favorável é proveniente do genitor comum entre os dois cruzamentos. Como esses cruzamentos foram avaliados em dois outros ambientes, será estimado também o efeito QTL x ambiente. Os resultados iniciais são promissores para o desenvolvimento de marcadores para seleção assistida, o que tornaria possível o desenvolvimento de cultivares de arroz com maior potencial produtivo, de modo mais eficiente.