

## **Análise univariada de modelos lineares mistos para população de mapeamento de QTL em arroz**

*Cristyene Gonçalves Benicio<sup>1</sup>; Tereza Cristina de Oliveira Borba<sup>2</sup>; Luíce Gomes Bueno<sup>3</sup>, Claudio Brondani<sup>4</sup>*

A irrigação agrícola consome cerca de 70% da água potável do planeta, e a restrição dos recursos hídricos é uma realidade crescente causada pelo aumento da poluição e do consumo industrial e urbano. Logo, estratégias que visem o aumento da tolerância ao déficit hídrico devem ser implementadas por programas de melhoramento. A tolerância à seca é normalmente descrita como controlada por vários genes e, portanto a identificação de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) pode ser o primeiro passo para a compreensão da base molecular do seu controle genético. Foram selecionadas duas cultivares para a formação de uma população segregante para o mapeamento de QTLs relacionados ao déficit hídrico, Douradão (cultivar tolerante) e BRS Primavera (cultivar sensível). O experimento para avaliação da progênie segregante de 224 famílias ( $F_{2:4}$ ) foi conduzido no delineamento de blocos aumentados de Federer com três repetições e quatro testemunhas para dois ambientes (déficit hídrico e condições normais de irrigação). O ensaio foi analisado por meio de análise univariada de modelos lineares mistos através do software R. A importância deste modelo é a obtenção de estimativas não tendenciosas dos parâmetros e ponderação dos genótipos com desigual número de informações, possibilitando a maximização da acurácia seletiva, e minimizando o erro de predição. As médias de produtividade dos experimentos variaram de 1748 kg/ha (déficit hídrico) a 3073 kg/ha (controle), demonstrando a tendência da ampla variação genética para expressão deste caráter nas condições em que os genótipos foram avaliados. Foram identificadas 24 famílias que apresentaram maior produtividade no ambiente sob estresse hídrico, com destaque para CNAx15128-151-B, com acréscimo de 1685 kg/ha na produtividade em condições de estresse em relação ao controle. Em comparação às testemunhas, estas famílias tiveram um desempenho superior. Sendo assim, pode-se concluir que a progênie derivada apresenta fenótipos com diferentes níveis de tolerância à seca e grande amplitude de variação ( $s_1 = 507,11$  e  $s_2 = 1375,21$ ), com uma maior expressão dessa variação em ambientes sob condições normais de irrigação (amplitude de variação = 317-5783 kg/ha). Esta população segregante será submetida à análise de QTLs para identificar locos relacionados à tolerância à seca, por meio de marcadores SNPs desenvolvidos para a recém-adquirida plataforma BeadExpress (Illumina).

<sup>1</sup> Bióloga, estudante de mestrado, biotecnologia, cristyene@gmail.com

<sup>2</sup> Engenheira de alimentos, pesquisador, biotecnologia, tereza@cnpaf.embrapa.br

<sup>3</sup> Engenheira agrônoma, estudante de pós doutorado, biotecnologia, luice@cnpaf.embrapa.br

<sup>4</sup> Engenheiro agrônomo, pesquisador, biotecnologia, brondani@cnpaf.embrapa.br