

ANÁLISE PRELIMINAR DE POPULAÇÃO DE ARROZ PARA MAPEAMENTO DE QTL VIA MODELOS LINEARES MISTOS

Cristyene Gonçalves BENICIO; Tereza Cristina de Oliveira BORBA; Luíce Gomes BUENO; Claudio BRONDANI

Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, cristyene@gmail.com

Palavras chave: arroz, modelos mistos, mapeamento de QTL, tolerância a seca

Introdução

O gênero *Oryza* compreende cerca de 22 espécies diplóides e tetraplóides, distribuídas em quatro complexos: *O. sativa* (AA), *O. officinalis* (BB, CC, BBCC, CCDD, EE), *O. ridleyi* (HHJJ) e *O. granulata* (GG). Todas as espécies agrupadas no complexo *O. sativa* são diplóides e possuem genoma AA. Este complexo é o mais importante por incluir as duas espécies cultivadas: *O. sativa*, representando mais de 90% do arroz cultivado em todo o mundo, e com destaque para adaptabilidade aos mais diversos ecossistemas; enquanto *O. glaberrima*, é restrita de algumas regiões do oeste da África (Kush & Brar, 2002; Londo et al., 2006).

O déficit hídrico é um fator limitante para produção de arroz, especialmente sob sistema de terras altas, em que a disponibilidade de água depende das chuvas ou da irrigação artificial. A irrigação de culturas em geral, consome 70% da água potável do planeta (Chaves & Oliveira, 2004) e a restrição dos recursos hídricos é uma realidade crescente perante o aumento da poluição e do consumo industrial e urbano (Liu et al., 2004). Logo, o delineamento de estratégias que visem o aumento da tolerância ao déficit hídrico deve ser priorizado pelos programas de melhoramento.

O conhecimento dos mecanismos genéticos envolvidos na resposta ao déficit hídrico é relevante para a identificação dos genes expressos em tais condições e para o desenvolvimento de cultivares tolerantes à seca. A tolerância a estresses abióticos, como a seca, geralmente está relacionada a caracteres controlados por vários genes e, portanto a identificação de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) pode ser o primeiro passo para a compreensão da base molecular do controle genético deste tipo de característica (Tuberosa & Salvi, 2006).

O mapeamento de QTLs permite dissecar o controle genético de uma característica complexa, possibilitando localizar as regiões genômicas que afetam a expressão da característica, mensurar seus efeitos e avaliar as interações entre

essas regiões. Assim, tal estratégia pode ser utilizada como âncora entre a genômica funcional e o melhoramento assistido, desde que sejam utilizados genótipos, modelos genético-estatísticos e condições ambientais adequados. Sendo assim, a identificação de QTLs pode ser utilizada como ferramenta auxiliar na identificação de alelos favoráveis e indicação de locos que poderão ser utilizados na seleção assistida por marcadores (MAS – *Marker Assisted Selection*), a qual permite a identificação mais rápida e eficiente de genótipos possuidores destes alelos favoráveis para serem efetivamente integrados aos programas de melhoramento (Coelho, 2000; Carneiro & Vieira, 2002).

Este trabalho teve como objetivo avaliar a extensão da variabilidade genética de uma população desenvolvida para mapeamento de QTL por meio da caracterização agrônômica via metodologia de modelos mistos, contribuindo futuramente contribuir para a identificação de regiões genômicas associadas ao controle genético da tolerância à seca em arroz.

Material e Métodos

Foram selecionadas duas cultivares para a formação de uma população segregante para o mapeamento de QTLs relacionados ao déficit hídrico, Douradão (cultivar tolerante) e Primavera (cultivar sensível). O experimento para avaliação da progênie segregante de 224 famílias $F_{2:4}$ foi conduzido em delineamento experimental de blocos aumentados de Federer com três repetições e quatro testemunhas para duas condições (déficit hídrico e condições normais de irrigação), no sítio de fenotipagem para seca da Embrapa Arroz e Feijão, na estação experimental da Agência Rural, localizada no município de Porangatu (GO).

Apesar de terem sido avaliados diversos caracteres de interesse, análise preliminar neste estudo envolver apenas os dados de produtividade de grãos (Kg/ha^{-1}) sendo considerados para análise estatística os dados de uma das repetições, por meio de análise univariada de modelos lineares mistos utilizando-se o software R.

Resultados e Discussão

As análises descritivas da produtividade avaliada para as progênies permitiram observar uma grande amplitude e variação dos dados, sendo inferior esta

variação no ambiente conduzido com estresse, resultante da limitação do potencial produtivo dos genótipos sob esta condição (Figura 1).

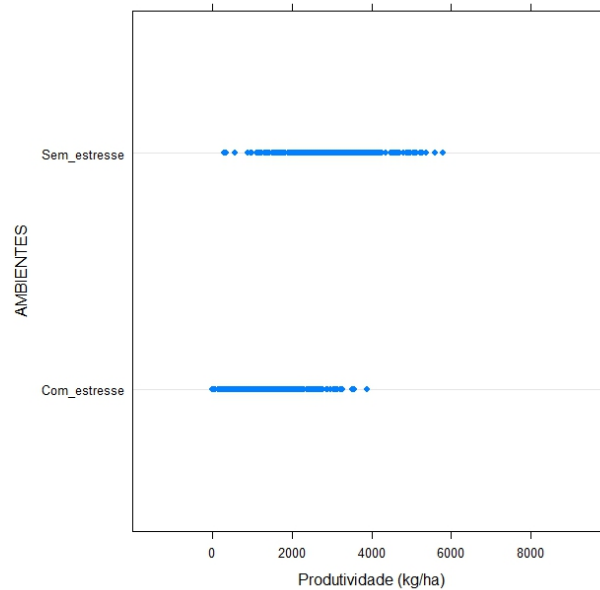


Figura 1. Amplitude de variação da produtividade, em ensaios conduzidos sob déficit hídrico e irrigação normal.

A simetria dos dados, sua dispersão, a existência ou não de *outliers* (dados discrepantes) podem ser observados nos gráficos boxplots (Figura 2) e de distribuição de frequências (Figura 3) do caráter avaliado. Pode-se observar que a condição sem limitação hídrica proporciona maior potencial para expressão do caráter envolvendo a manifestação de maior quantidade de valores extremos, incluindo produtividades acima de 5000 kg/ha^{-1} .

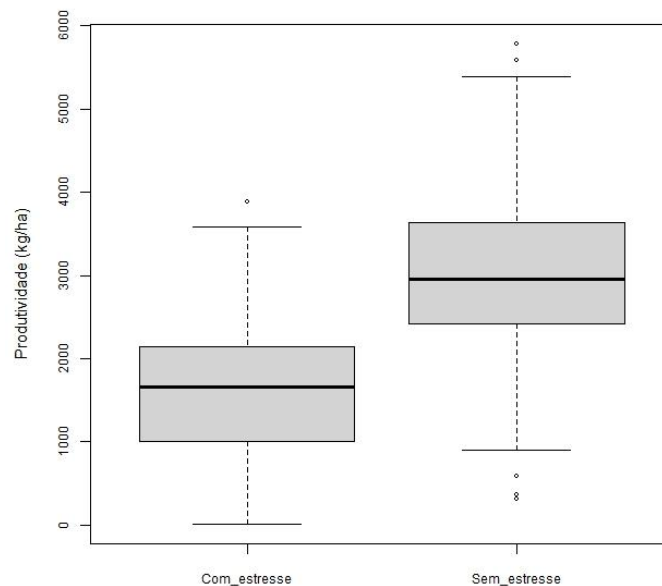


Figura 2. Boxplots da produtividade de grãos (kg/há^{-1}) dos tratamentos com e sem déficit hídrico.

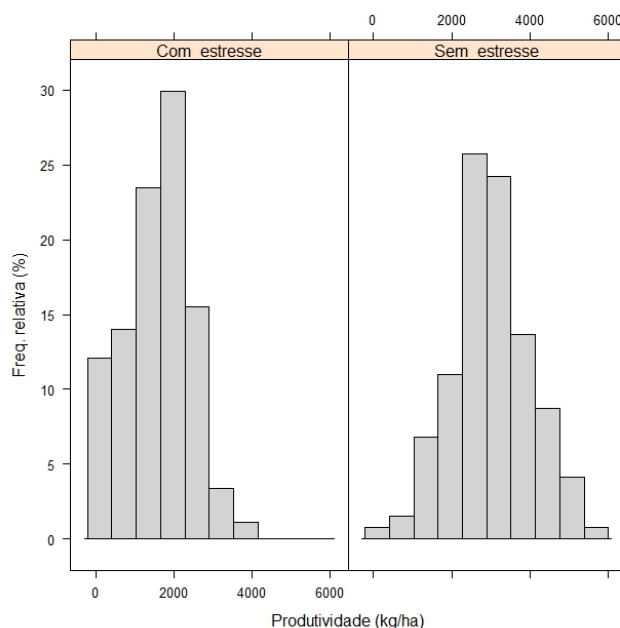


Figura 3. Distribuição de frequências por classes, para o caráter produtividade de grãos nos experimentos avaliados.

As médias de produtividade dos experimentos variaram de 1748 kg/há⁻¹ (com déficit hídrico) a 3073 kg/ha⁻¹ (em condições normais de irrigação), demonstrando a tendência da ampla variação ambiental para expressão deste caráter nas condições em que os genótipos foram avaliados. Dentre as duas condições avaliadas, nota-se que em média houve uma superioridade para os acessos em condições normais de irrigação. Observa-se também uma distribuição tendendo para a normal na condição em estresse e um desvio significativo da mesma ao ter sido induzido o estresse hídrico.

Das 224 famílias, 24 apresentaram maior produtividade no ambiente sob déficit hídrico com destaque para CNAx15128-151-B. Isto evidencia os diferentes padrões de expressão da característica para cada progênie de acordo com o tipo de ambiente avaliado.

A constatação de variação, e existência de contrastes na expressão do caráter sob as diferentes condições de cultivo demonstra o potencial da população avaliada para a realização de um mapeamento de QTLs com eficácia. A população desenvolvida do cruzamento das cultivares Douradão e Primavera poderá ser utilizada para o mapeamento de QTLs relacionados a estresses derivados de déficit hídrico, com eficácia. Posteriormente, os parentais e as linhagens segregantes serão avaliados com 1920 SNPs. Esta análise molecular permitirá a construção de um

mapa molecular de alta densidade, permitindo detectar QTLs relacionados à tolerância ao déficit hídrico.

Conclusões

Existe variabilidade genética entre as progênies da população de mapeamento, constatada pela amplitude de variação encontrada através da mensuração da produtividade.

A progênie derivada apresenta fenótipos com diferentes níveis de tolerância à seca e grande amplitude de variação dos valores genotípicos, com uma maior expressão dessa variação em ambientes sob condições normais de irrigação.

Referências Bibliográficas

CARNEIRO, M. S.; VIEIRA, M. L. C. Mapas genéticos em plantas. **Bragantia**, v.61, n.2, p.89-100, maio-ago. 2002.

CHAVES, M.M.; OLIVEIRA, M.M. Mechanisms underlying plant resilience to water deficits: prospects for water-saving agriculture. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.55, n.407, p.2365-2384, nov. 2004.

COELHO, A.S.G. Considerações gerais sobre a análise de QTL's. In: PINHEIRO, J.B.; CARNEIRO, I.F. **Análise de QTL no melhoramento de plantas**: Segunda Jornada em Genética e Melhoramento de Plantas realizada na Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás. Goiânia: Funape, 2000. p. 1-36.

KUSH, G.S., BRAR, D.S. Biotechnology for rice breeding: progress and potential impact. **FAO: The international rice commission**. 2002. Available at: <http://www.fao.org>. Acesso em: 13 de junho de 2011.

LIU, L.; LAFITTE, R.; GUAN, D. Wild *Oryza* species as potential sources of drought-adaptive traits. **Euphytica**, Netherlands, v.138, n.2, p.149-161, jun. 2004.

LONDO, J.P., CHIANG, Y.C., HUNG, K.H., CHIANG, T.Y., SCHAAL, B.A. Phylogeography of Asian wild rice, *Oryza rufipogon*, reveals multiple independent domestications of cultivated rice, *Oryza sativa*. **PNAS**. v.103, p.9578-9583, 2006.

TUBEROSA, R.; SALVI, S. Genomics-based approaches to improve drought tolerance of crops. **Trends in Plant Science**, v.11, n.8, p.405-412, jul. 2006.