

ASSOCIAÇÃO GENÔMICA (GWAS) PARA CARACTERES AGRONÔMICOS EM LINHAGENS DE MILHO TROPICAL EM ESTRESSE DE NITROGÊNIO

Massaine Bandeira e Sousa¹; Pedro Patric Pinho Moraes²; Filipe Couto Alves¹; Ítalo Stefanine
Correia Granato¹; Luciano Rogerio Braatz de Andrade²; Roberto Fritsche-Neto³

¹Doutorando(a) em Genética e Melhoramento de Plantas - USP/ESALQ; Piracicaba – SP/Brasil; email: massaine@usp.br; ²Doutorando em Genética e Melhoramento - UFV; Viçosa – MG/Brasil; ³Professor do Departamento de Genética - USP/ESALQ; Piracicaba – SP/Brasil.

Devido aos altos preços dos fertilizantes nitrogenados e a baixa disponibilidade deste elemento nos solos brasileiros, grande parte das lavouras de milho são conduzidas em condições de deficiência de nitrogênio (N). Neste contexto, o cultivo de genótipos eficientes no uso de nitrogênio (EUN) requer menores quantidades deste nutriente para produzir satisfatoriamente. Assim, a identificação desses cultivares requer à indução ao estresse nutricional, pois, genes que controlam a produtividade em condições de estresses abióticos são parcialmente diferentes daqueles para condições ótimas. Portanto, o objetivo foi identificar genes candidatos associado a caracteres agronômicos em condição de estresse por deficiência de N. Para a análise de associação genômica foram avaliadas 62 linhagens de milho tropical. A avaliação fenotípica foi realizada por meio de um experimento conduzido em Piracicaba/SP, com o delineamento Látice Quadrado 8x8 e duas repetições, em condição de déficit de N (30 kg.ha⁻¹). Foram avaliados cinco caracteres agronômicos: produtividade de grãos (PG), peso de 300 grãos (P300G), dias para o florescimento masculino (DFM), intervalo de florescimento (IF) e staygreen (SG). A genotipagem foi realizada pela plataforma Illumina GoldenGate[®] com um array de 768 SNPs. O controle de qualidade dos dados genômicos foi realizado considerando *Call Rate* de 85% e MAF de 5%, resultando em 539 SNPs, usados nas análises de desequilíbrio de ligação (r^2) e obtenção da matriz de parentesco (K). A análise de deviance dos efeitos aleatórios do modelo foi realizada pelo pacote ASReml do software R e a GWAS através do modelo MLM (*mixed linear model*) com informação da matriz K pelo software Tassel v5.2.8. O nível de significância considerado para o efeito dos SNPs foi de $1,55 \times 10^{-4}$, estimado por α / N , em que $\alpha=0,05$ e N é o número efetivo de testes independentes, estimado pelo método *simpleM*, que calcula o número de SNPs informativos usando análises de componentes principais. Os genes candidatos foram selecionados a partir do genoma de referência da linhagem B73 RefGen_v2 (www.maizegdb.com). Os resultados indicaram que há variabilidade genética entre as linhagens de milho para as cinco características avaliadas ($p < 0,01$). O valor médio entre marcas do r^2 foi baixo (0,02). A análise de associação genômica identificou dois marcadores SNPs significativos em duas características. Para a característica P300G foi identificado o marcador PZA03028.5 associado com o gene GRMZM2G130332. Esse gene codifica uma proteína da superfamília DapF, expressa em todos os tecidos e, além disso, essa via metabólica tem o potencial de incrementar a produção de aminoácidos essenciais. Em relação à DFM o marcador PZA00109.3 associado ao gene GRMZM2G369203 codifica uma proteína não caracterizada que é expressa em condições de estresses abióticos. Por fim, conclui-se que estes marcadores podem ser úteis na seleção assistida para estresse por nitrogênio.

Palavras-Chave: *Zea Mays*; Estresse Abiótico; Gene Candidato.

Apoio financeiro: FAPESP (processo 2013/24135-2), CAPES e CNPq.