

ASSOCIAÇÃO GENÔMICA DE MARCADORES SNPs PARA A RESISTÊNCIA DA SOJA À *MELOIDOGYNE INCOGNITA*

Fabiane Lazzari¹; Tatiane Dalla Nora Montecelli¹; Leandra R. Texeira Polo¹; Danielle Costenaro da Silva²; Tatiane C. Albuquerque Alves¹; William Ludke³; Ivan Schuster¹.

¹Pesquisadores na Coodetec Desenvolvimento, Produção e Comercialização Agrícola Ltda – Cascavel-PR/Brasil – email: flazzari@coodetec.com.br; ²Coordenadora de Compliance e Regulatório na Syngenta – Uberlândia-MG/Brasil; ³Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFV/Viçosa-MG/Brasil.

Apesar da disponibilidade de trabalhos com mapeamento de QTLs para resistência aos nematoides de galhas, a utilização de seleção assistida por marcadores moleculares para esta característica não é eficiente nos programas de melhoramento da soja. Recentemente, métodos baseados em desequilíbrio de ligação, associados a indivíduos não aparentados têm sido recomendados como ferramentas para produzir estimativas refinadas de localização de genes. Este trabalho teve como objetivo identificar marcadores moleculares SNPs associados à QTLs de resistência à *Meloidogyne incognita* em soja utilizando a análise de associação genômica, para estabelecer um programa de seleção assistida. Foram utilizadas 168 cultivares de soja, submetidas à avaliação de resistência ao nematoide de galhas *M. incognita* e genotipadas com 6 mil marcadores SNPs. A estrutura da população foi analisada e determinada utilizando o software Structure. Para associação entre dados fenotípicos e moleculares, foi utilizado o software Tassel versão 5.0, com modelo linear misto (MLM) usando matriz Q e o coeficiente de Kinship (matriz K). Os marcadores testados e dados de subpopulação (matriz Q) foram considerados como fatores de efeito fixo, enquanto matriz Kinship foi considerada como um fator de efeito aleatório. Para confirmar a significância das associações, a correção foi aplicada usando método FDR. Foram identificados QTLs associados à resistência a *M. incognita* em soja, em cinco cromossomos (10, 15, 16, 17 e 19), sendo o de maior efeito localizado no cromossomo 10. A eficácia de seleção pelos marcadores identificados foi confirmada pelo teste de χ^2 por tabelas de contingência, no programa Genes. O marcador localizado no cromossomo 10 foi validado e está fortemente associado ao QTL de resistência à *M. incognita*. Ele apresentou 87% de eficiência na seleção em conjunto com a avaliação fenotípica. Os resultados obtidos neste trabalho indicam que o QTL identificado no cromossomo 10 é o gene Rmi1 relatado na literatura e quase todas as cultivares resistentes neste trabalho apresentam este gene. Os marcadores associados identificados podem ser utilizados para estabelecer um eficiente programa de seleção assistida para resistência da soja ao nematoide *M. incognita*.

Palavras-chave: QTLs, SNPs, nematoides de galhas, soja.

Apoio Financeiro: CNPq