

## AValiação de um Modelo de Seleção Genômica Ampla em Cana-de-Açúcar (*Saccharum spp.*) em Condições de Elevado Desequilíbrio de Ligação

Ivone de Bem Oliveira<sup>1</sup>; Clistiane dos Anjos Mendes<sup>1</sup>; Camila de Marillac Costa Nunes<sup>3</sup>; Milena Alves<sup>1</sup>; Stela Barros Ribeiro<sup>2</sup>; Isabela Pavanelli de Souza<sup>1</sup>; Rhewter Nunes<sup>2</sup>; Alexandre Siqueira Guedes Coelho<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFG/Goiânia-GO/Brasil. Bolsista CAPES – e-mail: [ivonedebem@gmail.com](mailto:ivonedebem@gmail.com); <sup>2</sup>Mestrando(a) em Genética e Melhoramento de Plantas – UFG/Goiânia-GO/Brasil. <sup>3</sup>Professora Adjunta no Centro Universitário de Goiás, Uni-Anhanguera Goiânia-GO/Brasil; <sup>4</sup>Professor Associado I – Setor de Melhoramento de Plantas – Escola de Agronomia – UFG/Goiânia-GO/Brasil.

A Seleção Genômica Ampla (GWS) visa capturar o efeito conjunto de grande quantidade de locos dispersos no genoma como um todo. Uma chave para esse processo é a existência de desequilíbrio de ligação (LD) entre parte dos locos analisados e os polimorfismos envolvidos na determinação de caracteres fenotípicos. O LD é um fenômeno genético cuja presença decorre da segregação não independente dos alelos dos diferentes locos, resultando em uma associação entre eles durante a formação dos haplótipos. Diversos fatores evolutivos, tipicamente considerados na análise genética populacional, e também operantes nas diferentes etapas dos programas de melhoramento genético, podem interferir na magnitude do LD. Como estes fatores são específicos para cada população (natural ou de melhoramento), o LD deve ser tratado como um parâmetro populacional. Medidas de LD são desenvolvidas considerando diferentes fatores evolutivos, afim de diminuir o viés gerado por eles durante sua mensuração. Com o intuito de mensurar o LD em populações de melhoramento da Ridesa foi implementado no ambiente R o modelo descrito por Raboin et al. (2008). Esse modelo considera como fatores controlados para diminuição de viés na mensuração do LD a polissomia e a poliploidia, características inerentes ao genoma da cana-de-açúcar. Com o uso desta modelagem, foram obtidos os perfis de decaimento para duas populações de melhoramento da Ridesa, a partir da análise de 850 e 470 locos DArT, para cada população. A primeira população foi composta por 91 indivíduos provenientes do cruzamento biparental entre os clones-elite RB97327 e RB72454 e a segunda, composta por 81 clones obtidos pela autofecundação do clone RB97327. As populações estudadas apresentaram alto LD, mostrando a existência de desequilíbrio mesmo entre locos separados por 30cM. Com base nos valores encontrados e nos estudos sobre LD existentes para cana na literatura, foram discutidos os possíveis efeitos dos processos de melhoramento sobre a dinâmica genética desta cultura. Os padrões de segregação mendeliana dos locos e seus efeitos nos perfis de decaimento do desequilíbrio foram estudados, mostrando que estes perfis podem estar associados à dosagem dos alelos sob análise. Uma vez identificados os elevados níveis de LD nas duas populações estudadas, buscou-se avaliar o potencial de desenvolvimento de um modelo de seleção genômica ampla (GWS) com o uso da metodologia RR-BLUP. Para isto, 132 indivíduos foram fenotipados para seis diferentes caracteres relacionados à produtividade de biomassa e teor de açúcar. Além de evidenciar o grande potencial de desenvolvimento de modelos desta natureza utilizando marcadores DArT para cana-de-açúcar, os resultados obtidos sugeriram a existência de um forte efeito da estruturação intrapopulacional sobre as acurácias obtidas. Isso mostra que estes efeitos, normalmente negligenciados durante as análises de calibração de modelos de GWS, devem ser melhor investigados em estudos posteriores.

Palavras-chave: GWS; Melhoramento Genético; Estruturação intrapopulacional.

Apoio Financeiro: FINEP/Ridesa/Petrobras/CAPES/CNPq