



Associação genômica ampla (GWAS) de características de dias de florescimento em genótipos de milho-pipoca

Gabrielle Sousa Mafra, Antonio Teixeira do Amaral Júnior, Janeo Eustáquio de Almeida Filho, Juliana Saltires Santos, Yure Pequeno de Souza

Somente no ano de 2016, a produção de milho no Brasil ultrapassou 64 milhões de toneladas. No entanto, ainda é limitado o número de informações específicas a respeito da espécie milho-pipoca (*Zea mays* var. Everta). Nesta espécie, traços mais importantes economicamente são geralmente herdados de forma quantitativa. Uma ferramenta utilizada com sucesso para identificar a base genética dessas características é o estudo de associação genômica ampla (GWAS). Desta forma, o objetivo desse estudo foi identificar e associar os marcadores SNPs, relacionados com as características de dias de florescimento masculino (FM) e feminino (FF), por meio da análise GWAS. Para tal, foram amostrados 99 indivíduos da população de polinização aberta UENF14, os quais foram autofecundados e genotipados, sendo obtidos 21.442 SNPs, que após os filtros, resultaram em um painel de 10.507 marcas distribuídas ao longo do genoma. Para as análises de associação, utilizou-se o conjunto de dados públicos do genoma do milho. As anotações funcionais dos genes foram realizadas usando o navegador do genoma *MaizeGDB*. As progênies S_1 dos indivíduos foram fenotipadas em dois locais: Itaocara-RJ e Campos-RJ, em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Em Campos, foi identificado um gene - GRMZM2G414114 - relacionado às características MF e FF. Este gene codifica para um complexo de proteínas denominadas *TCP-transcription factor 27*. A família TCP tem funções relevantes em vários processos de desenvolvimento, sugerindo sua importância na formação de inflorescências femininas. Em Itaocara foi identificado apenas um gene - GRMZM2G083725 - relacionado à FF, codificando para uma família proteica denominada *Putative Bifunctional Inhibitor/LTP/Seed Storage Protein Family*. A maioria dos genes que codificam para LTPs são preferencialmente expressos em células epidérmicas de folhas e flores. Dessa forma, é possível sugerir que os genes identificados estão efetivamente relacionados aos SNPs identificados e associados às características avaliadas, podendo ser usados na seleção assistida por marcadores.

Palavras-chave: *Genome-Wide Association Studies*, SNP, UENF-14

Instituição de fomento: CNPq, FAPERJ, UENF