



# XIII SIGM

International symposium on  
genetics and breeding

## MAPEAMENTO DE HERDABILIDADES REGIONAIS SOB A ABORDAGEM BAYESIANA APLICADO A CARACTERÍSTICAS DO ARROZ

XIII International Symposium on Genetics and Breeding, 13ª edição, de 25/10/2022 a 27/10/2022  
ISBN dos Anais: 978-65-5465-014-4

**ROSSINOL; Aline Marçal Rossinol<sup>1</sup>, AZEVEDO; Camila Ferreira Azevedo<sup>2</sup>, CELERI; Maurício de Oliveira<sup>3</sup>, NASCIMENTO; Moysés<sup>4</sup>, NASCIMENTO; Ana Carolina Campana<sup>5</sup>, RESENDE; Marcos Deon Vilela De<sup>6</sup>**

### RESUMO

Os estudos de associação genômica ampla (*Genome Wide Association Studies* - GWAS) vem cada vez mais sendo realizados em programas de melhoramento animal e vegetal. A GWAS utiliza marcadores moleculares, principalmente os do tipo SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*), visando identificar as variantes causais no genoma e investigar as regiões do cromossomo em que as variantes significativas se encontram. Atualmente, os estudos utilizando grupos de marcadores vêm ganhando cada vez mais destaque, devido ao fato de que, os marcadores moleculares podem estar em alto desequilíbrio de ligação (*Linkage Disequilibrium* - LD) entre si e, com isso, influenciar conjuntamente o fenótipo. As abordagens bayesianas, tem ganhado espaço dentro dos estudos de GWAS, pois, permitem quantificar a incerteza de cada parâmetro, quando assume-se uma distribuição de probabilidade *a priori* para os mesmos e combinam-se a elas, na inferência, as informações provenientes dos dados. O objetivo desse estudo foi aplicar o método de Mapeamento de Herdabilidade Regional (*Regional Heritability Mapping* - RHM) sob a abordagem bayesiana, em um banco de dados de arroz (*Oryza sativa*), visando encontrar regiões associadas a 11 características fenotípicas. Os dados usados neste trabalho são provenientes do *Rice Diversity Project*. O tamanho das regiões foi determinado como sendo a distância na qual o LD é metade do seu valor máximo e, para verificar se as regiões eram de fato associadas as características fenotípicas, foi utilizada a Probabilidade *a Posteriori* da Associação da Janela (*Window Posterior Probability of Association* - WPPA). O método RHM sob a abordagem bayesiana conseguiu detectar regiões associadas à altura de planta nos cromossomos 1, 3 e 11; ao número de flores por panículas no cromossomo 2; a resistência a brusone no cromossomo 3; ao comprimento da folha da bandeira no cromossomo 8 e ao teor de proteína nos cromossomos 1, 2 e 3. Uma das regiões encontradas pelo modelo que é associada à altura de planta já foi detectada e relatada na literatura. As demais podem ser potencialmente estudadas em análises de pós-GWAS. Essa é uma metodologia que apresenta potencial para aplicação, descoberta e investigação de novas regiões genômicas associadas a características fenotípicas do arroz que ainda não foram relatadas na

<sup>1</sup> Universidade Federal de Viçosa, aline.rossinol@ufv.br  
<sup>2</sup> Universidade Federal de Viçosa, camila.azevedo@ufv.br  
<sup>3</sup> Universidade Federal de Viçosa, mauricio.celeri@ufv.br  
<sup>4</sup> Universidade Federal de Viçosa, moysesnascim@ufv.br  
<sup>5</sup> Universidade Federal de Viçosa, ana.campana@ufv.br  
<sup>6</sup> Embrapa Café, marcos.deon@ufv.br

literatura e apresenta potencial para ser aplicada em outras culturas de interesse agrônômico.

**PALAVRAS-CHAVE:** Estatística bayesiana, Associação Genômica Ampla, Oryza sativa

<sup>1</sup> Universidade Federal de Viçosa, aline.rossinol@ufv.br  
<sup>2</sup> Universidade Federal de Viçosa, camila.azevedo@ufv.br  
<sup>3</sup> Universidade Federal de Viçosa, mauricio.celeri@ufv.br  
<sup>4</sup> Universidade Federal de Viçosa, moysesnascim@ufv.br  
<sup>5</sup> Universidade Federal de Viçosa, ana.campana@ufv.br  
<sup>6</sup> Embrapa Café, marcos.deon@ufv.br