

Comparação de Linhagens do Cruzamento Epagri 108 x Irat 122 Avançadas pelos Métodos Bulk e SSD⁽¹⁾

Mariana Rodrigues Feitosa Ramos², Rosana Pereira Vianello³, João Antônio Mendonça⁴, Francisco Pereira Moura Neto⁵ e Claudio Brondani⁶

¹ Pesquisa financiada pelo SEG/Embrapa.

² Engenheira-agrônoma, doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Biólogo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Engenheiro-agrônomo, mestre em Agronomia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - Um aspecto relevante a ser considerado por programas de melhoramento genético de arroz é a utilização da extensa variabilidade genética armazenada em bancos de germoplasma. Diversos critérios devem ser considerados na escolha de um genótipo a ser incorporado ao bloco de cruzamentos desses programas, como a presença de um caráter favorável, a variabilidade genética obtida por marcadores moleculares e, quando possível, a capacidade combinatória. Uma estratégia abrangendo esses três critérios foi realizada na Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa, composta por 550 acessos, avaliados por 20 caracteres de interesse em 13 experimentos de campo, em sete estados brasileiros, e genotipados por um painel de 24 marcadores microssatélites. Além da caracterização *per se*, os acessos que se destacaram por seu potencial produtivo foram cruzados entre si em esquema de dialelo, resultando em 600 combinações distintas par a par. Dentre esses cruzamentos, um em particular foi considerado relevante pelo alto valor da capacidade específica de combinação: Epagri 108 (*Oryza sativa* spp. *indica*) x Irat 122 (*Oryza sativa* spp. *japonica*). Esse cruzamento, além de derivar linhagens com alto potencial produtivo, tem sido utilizado para estudos de genética quantitativa e genética molecular. Desse cruzamento foram obtidas linhas puras recombinantes (RILs) por dois métodos - Bulk (amostra de sementes de uma geração colhidas em bulk e utilizadas no avanço para a próxima geração) e Descendente de Semente Única (SSD, onde uma semente por família dá origem à próxima geração dessa família). O objetivo deste trabalho foi comparar o perfil de marcadores SNPs, a produtividade das RILs avançadas por SSD com as RILs avançadas por Bulk, e a comparação dos QTLs identificados em cada população. As 158 RILs de cada método, SSD-RILs (geração F_8) e Bulk-RILs (geração $F_{7:8}$), foram avaliadas por dois anos (safras 2016/2017 e 2017/2018), no delineamento látice duplo 18x18 com duas repetições, compostas por parcelas de quatro linhas de 3 m, na Fazenda Palmital em Brazabrantes, GO. Adicionalmente todas as RILs foram genotipadas pela metodologia DArTseq®, que gerou cerca de 6.000 SNPs. O modelo estatístico adotado para a análise dos dados de produtividade foi o linear misto (MLM) por meio do programa R. A análise de QTL utilizou a metodologia de mapeamento por intervalo múltiplo, realizada pelo programa R/qtl. Para as avaliações do primeiro e segundo anos e a análise conjunta (dois anos), o grupo Bulk-RILs apresentou maiores médias de produtividade que SSD-RILs e testemunhas. Porém, quanto ao componente de variância genética, o grupo SSD-RILs apresentou a maior estimativa, seguido por Bulk-RILs e testemunhas. A produtividade das Bulk-RILs variou de 4.010,75 kg ha⁻¹ a 5.815,42 kg ha⁻¹, enquanto que em SSD-RILs variou de 3.321,76 kg ha⁻¹ a 8.096,27 kg ha⁻¹, ambas superando o grupo das testemunhas, que variou de 2.754,30 kg ha⁻¹ a 3.643,73 kg ha⁻¹. A análise de QTL para o caráter produtividade de grão da população SSD-RILs utilizou 2.115 marcadores SNPs, enquanto que para Bulk-RILs foram 1.166 SNPs. A análise da população RILs-SSD identificou três QTLs, sendo dois no cromossomo 6 (SNP Dart_6_9538767, explicando 23,56% da variação fenotípica; e SNP Dart_6_17931455, 9,45%) e um no cromossomo 9 (SNP Dart_9_22544728, 7,45%). A análise da população RILs-Bulk identificou dois QTLs, sendo um no cromossomo 1 (SNP Dart_1_35880782, 27,65%) e outro no cromossomo 9 (SNP Dart_9_19521725, 26,95%). O cruzamento Epagri 108 x Irat 122 apresentou grande potencial genético para geração de linhagens superiores para a produtividade. O método SSD foi o mais eficiente na geração de RILs com maior potencial produtivo, e ambos os métodos foram eficientes para identificar QTLs para a produtividade.