

## Cruzamento em Dialelo entre genótipos da CNAE de base genética ampla

*Mariana Rodrigues Feitosa Ramos<sup>1</sup>, João Antônio Mendonça<sup>2</sup>, Claudio Brondani<sup>3</sup>*

A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) é uma amostra representativa do Banco Ativo de Germoplasma do CNPAF, e foi estabelecida para viabilizar a caracterização molecular, fenotípica e de combinação genética dos acessos, com a finalidade de fornecer subsídios para incrementar o processo de desenvolvimento de cultivares do programa de melhoramento de arroz. A análise de combinação genética foi realizada por cruzamento em dialelo completo, sem os recíprocos, envolvendo os 12 acessos mais produtivos e geneticamente distintos da CNAE, selecionados em experimento conduzido em Boa Vista (RR). O objetivo deste trabalho foi identificar os genótipos com maior Capacidade Geral (CGC) e Específica de Combinação (CEC) para uso do programa de melhoramento do CNPAF. Os 12 genitores, 66 híbridos F2 e 5 testemunhas foram avaliados no delineamento de blocos casualizados com três repetições. O caráter avaliado foi a produtividade (Kg/ha) corrigida para 13% de umidade. A análise de variância (ANOVA) foi realizada pelo programa Genes, e as estimativas de CGC e CEC foram obtidas pelo modelo de Griffing (1956), disponível no programa SAS. Os genitores que apresentaram maior CGC, ou seja, que podem resultar em cruzamentos com progênies mais produtivas, foram Chililica e Mearin (variedades tradicionais, VT) e BRS Jaburu e Metica 1 (cultivares). Os cruzamentos com maiores valores de CEC foram Chililica x BRS Jaburu, Metica 1 x BRS Jaburu, BG 90-2 x BRS Jaburu, Saquarema x BRS Jaburu e Canela Curta x Chililica. Observou-se que alguns genitores com alta CGC também resultaram em combinações híbridas superiores, indicando que são materiais geneticamente divergentes, e que quando em combinação, resultaram em boa complementariedade de seus genes/alelos. Os genótipos com alta CGC podem integrar o conjunto de genitores do programa de melhoramento, enquanto que a progênie derivada das melhores combinações híbridas pode ser submetida à seleção para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas para a Região Norte do país, e que hoje representa a principal área de expansão do cultivo de arroz do Brasil.

<sup>1</sup> Estudante de Pós - Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marianaramosagro@hotmail.com

<sup>2</sup> Técnico A, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

<sup>3</sup> Doutor em Biologia Molecular, pesquisador, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br