

# CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR MODELOS MISTOS DE UMA POPULAÇÃO DE LINHAS PURAS RECOMBINANTES DE ARROZ IRRIGADO

Ana Letycia Basso Garcia<sup>1</sup>, João Antônio Mendonça<sup>2</sup>, Douglas Eterno Louza Sartori<sup>2</sup>, Mariana Rodrigues Feitosa Ramos<sup>1</sup>, Claudio Brondani<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal de Goiás. <sup>2</sup>Embrapa Arroz e Feijão. \*E-mail do autor para correspondência: letyciabasso@gmail.com.

O aumento da produtividade em arroz é um desafio para os programas de melhoramento do mundo todo. Uma alternativa para identificar linhagens mais produtivas, ou mesmo descobrir genes correlacionados à produtividade e seus componentes, é conhecer e explorar o pool gênico de populações provenientes de cruzamentos entre genótipos ainda pouco utilizados no melhoramento, como materiais introduzidos. O objetivo desse trabalho foi caracterizar uma população de linhas puras recombinantes (RILs), provenientes do cruzamento entre Maninjau x Epagri 108. Foram avaliadas 296 RILs em experimentos conduzidos em Goianira (GO), Boa Vista (RR) e Pelotas (RS), no ano de 2016. Em GO e RR os ensaios foram implantados em delineamento alfa-látice (17x18) e em Pelotas foi utilizado BAF (blocos aumentados de Federer). Foram coletados dados referentes à produtividade (PD) e altura (AP) nos três locais, além de dias até o florescimento (DF), em RR e GO, peso de 100 grãos (PG), em RS e GO. Os dados foram analisados via modelos mistos, através da análise de deviance. Os componentes de variância foram estimados via REML/BLUP e foram estimados os parâmetros genéticos e coeficientes de correlação entre caracteres, bem como os parâmetros estatísticos  $CV_e$ ,  $CV_g$ ,  $CV_r$  e acurácia seletiva. A análise de interação  $G \times E$  foi feita com base no método da MHPRVG. Foram estimadas as distâncias genéticas entre as linhagens de maior valor genotípico em cada local e os parentais do cruzamento, através de um painel de 24 marcadores SSR, e para Boa Vista e Goianira, a maioria das linhagens mais produtivas foram mais similares ao genitor Epagri 108. A maioria dos efeitos aleatórios do modelo estatístico adotado foi significativa. A produtividade se revelou com herdabilidade moderada (0,67), enquanto que os caracteres DF, AP e PG apresentaram alta herdabilidade (>0,90). Foi verificada correlação positiva significativa entre os caracteres PD e PG e DF e AP, porém esses dois últimos apresentaram correlação negativa significativa com a produtividade. Nove RILs se destacaram pela MHPRVG, com desempenho superior a 30% em relação à média geral. Elas são, portanto, recomendadas para uso do programa de melhoramento como potenciais genitoras. A RIL 105 foi classificada como a de melhor estabilidade, adaptabilidade e produtividade, simultaneamente. Os resultados indicam que a população tem alta variabilidade genética para os caracteres avaliados e pode ser utilizada tanto na seleção de genótipos de alto desempenho produtivo, quanto em estudos para detecção de QTLs relacionados a esses caracteres, em múltiplos locais.

**Palavras-chave:** RILs, deviance, MHPRVG.