

Análise de QTLs do cruzamento IRAT 122 (*japonica*) x Araguaia (*japonica*)

Daniany Rodrigues Adorno Silva¹, Adriano Pereira de Castro², Antônio Carlos Centeno Cordeiro³, Daniel Fernandez Franco⁴, Francisco Pereira de Moura Neto⁵, Claudio Brondani⁶

Cultivado e consumido em todos os continentes, o arroz (*Oryza sativa* L.) destaca-se pela produção e área de cultivo, desempenhando papel estratégico tanto no aspecto econômico quanto no social. Um dos principais desafios para os programas de melhoramento dessa cultura é o aumento do potencial produtivo de cultivares comerciais. Para o desenvolvimento de linhagens e cultivares superiores é necessário que sejam incorporados alelos superiores em genitores dos programas de melhoramento. Uma das alternativas para a identificação da variabilidade genética útil é a realização de cruzamentos envolvendo genitores pouco aparentados e a genotipagem e fenotipagem de populações segregantes derivadas desses cruzamentos, com uma posterior análise de QTL (locos de caracteres quantitativos). O objetivo deste trabalho consiste na identificação de genes e combinações alélicas que estejam associadas à produtividade de grãos e a massa de 100 grãos em arroz por meio de análises de QTLs, utilizando mapa genético de alta resolução baseado em marcadores SNPs. A população avaliada consiste de 212 RILs (linhagens puras recombinantes) na geração F7. Essa população é derivada do cruzamento IRAT 122 (*japonica*) x Araguaia (*japonica*), que apresentaram na geração F2 alta capacidade específica de combinação (CEC) para o caráter produtividade de grão em relação a outros cruzamentos avaliados em estudo prévio. Os caracteres avaliados foram o número de dias até o florescimento, altura de planta (cm) e produtividade. O delineamento experimental foi o Látice quadrado 16 x 15 com duas repetições. A média da floração das RILs foi de 94 dias após o plantio, com o resultado indicando médias similares a dos genitores, que foi de 93 dias após o plantio. A média para altura de plantas das RILs foi de 124,63 cm, valor similar à média dos genitores, que foi de 124,5 cm, e a produtividade média das RILs foi de 5.725,3 kg ha⁻¹, sendo que a produtividade dos genitores foi de aproximadamente 6.062,5 kg ha⁻¹. A genotipagem das RILs será realizada via DArTseq, que irá gerar um banco de dados de marcadores SNP (polimorfismo de base única) e, quando analisados juntamente com os dados fenotípicos dos caracteres, será realizado o mapeamento de QTL. Ao final, espera-se obter marcadores SNPs relacionados aos caracteres avaliados para uso na seleção assistida ou seleção genômica no programa de melhoramento genético de arroz da Embrapa.

¹ Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, daniany.rodrigues@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.castro@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Roraima, Boa Vista, RR, antonio.cordeiro@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Sistemas de Produção Agrícola Familiar, pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, daniel.franco@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, mestre em Fitotecnia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, francisco.moura@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br