

Caracterização genética por modelos mistos de uma população de linhas puras recombinantes de arroz irrigado

Ana Letycia Basso Garcia¹, João Antônio Mendonça², Douglas Eterno Louza Sartori³, Mariana Rodrigues Feitosa Ramos⁴, Claudio Brondani⁵

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 deste 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 Goianira e em Boa Vista os ensaios foram implantados em delineamento alfa-látice (17x18) e em Pelotas 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 no Distrito Federal, em Roraima e Goiás, e peso de 100 grãos (PG), no Rio Grande do Sul e Goiás. Os dados foram analisados via modelos mistos, através da análise de deviance. Os componentes de variância foram estimados via REML/BLUP, e ainda 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. Para Boa Vista e Goianira, a maioria das linhagens mais produtivas foram 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 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. 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.

¹ Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, letyciabasso@gmail.com

² Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

³ Estudante de Graduação em Ciências Biológicas da Pontifícia Universidade Católica de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, losa_3636@hotmail.com

⁴ Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marianaramosagro@hotmail.com

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br