

Identificação de Variantes Alélicas em *Backgrounds* Genéticos Multiparentais para Caracteres Associados à Produtividade de Grão em Arroz (*Oryza sativa* L.)⁽¹⁾

Daniany Rodrigues Adorno Silva², Adriano Pereira de Castro³, Antônio Carlos Centeno Cordeiro⁴, Daniel Fernandez Franco⁵, Francisco Pereira Moura Neto⁶, Rosana Pereira Vianello⁷, João Antônio Mendonça⁸ e Claudio Brondani⁹

¹ Pesquisa financiada pela Embrapa e Capes.

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

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Roraima, Boa Vista, RR

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Sistemas de Produção Agrícola Familiar, pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS

⁶ Engenheiro-agrônomo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁷ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁸ Biólogo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁹ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - Para o desenvolvimento contínuo de linhagens que possuam potencial produtivo superior em relação às cultivares comerciais, é fundamental que sejam identificados e incorporados alelos superiores e as combinações no pool gênico dos genitores dos programas de melhoramento de arroz. Uma das alternativas é a realização de cruzamentos amplos e a obtenção e a fenotipagem de populações segregantes, como populações *nested association mapping* (NAM) genotipadas por marcadores SNPs. O objetivo deste estudo foi identificar QTLs estáveis entre ambientes e *backgrounds* genéticos através da utilização de quatro populações NAM de arroz. As populações-base foram: IRAT122 x Epagri108 (Pop1), IRAT122 x Araguaia (Pop2), Araguaia x Maninjau (Pop3) e Maninjau x Epagri108 (Pop4). As combinações de populações NAM foram: NAM1 (Pop1 x Pop2), NAM2 (Pop1 x Pop4), NAM3 (Pop2 x Pop3) e NAM4 (Pop3 x Pop4), totalizando 449, 538, 450 e 539 linhagens F7, respectivamente. Os SNPs foram obtidos pela metodologia DArTseq, e a análise de QTLs pelo pacote *R/qtl*. Foram identificados alelos superiores para 219 QTLs para os três caracteres avaliados (produtividade, floração e altura), em dois experimentos de campo (estados de GO e RR), dos quais 102 QTLs exibiram interação ambiental, e desses, 17 foram identificados em mais de uma população e local. Esse é um resultado promissor por identificar vários SNPs ambientalmente como estáveis e relacionados a caracteres agrônômicos de interesse. A partir dessa informação os SNPs serão validados e, em seguida, incorporados ao SNP chip que está sendo desenvolvido para uso na seleção assistida para o melhoramento genético de arroz na Embrapa.