

Parâmetros quantitativos e validação do QTL *Pup1* para tolerância à deficiência de fósforo em seleção recorrente de arroz de terras altas

Miriam Suzane Vidotti¹, Tereza Cristina de Oliveira Borba², Maria da Conceição Santana Carvalho³ e José Manoel Colombari Filho⁴

O arroz de terras altas possui um elevado potencial de expansão na região de cerrado brasileiro, onde os solos possuem baixa disponibilidade de fósforo (P). Assim, o desenvolvimento de cultivares que possuam adaptação a essa condição é considerado estratégico para promover sustentabilidade de produção à cultura. O objetivo deste estudo é avaliar progênies $S_{0,2}$ da população CNA9/3/1 de seleção recorrente de arroz de terras altas, quanto à eficiência de uso de P no solo por meio do caráter produção de grãos (PG, em kg ha^{-1}); e validar nestas progênies a presença do QTL *Phosphorus uptake 1* (*Pup1*), responsável pelo aumento na eficiência de absorção de P. No ano agrícola 2011/12, em Santo Antônio de Goiás-GO e em Sinop-MT, foram conduzidos dois experimentos contrastantes por local: baixo e alto nível de P, estabelecidos pelo teor de argila do solo, e sem a discriminação dos demais fatores. Foi adotado o delineamento látice quadrado simples 14 x 14, com 189 progênies e sete testemunhas, e parcelas de 4 linhas de 3 m de comprimento. As precisões experimentais foram satisfatórias para PG em todas as análises de variância, com CV entre 21,2% e 24,4%. Notou-se uma redução de cerca de 28% na média geral da população e, de cerca de 62% da magnitude da estimativa da variância genética entre progênies, devido a deficiência de P no solo. Identificaram-se diferenças altamente significativas ($p \leq 0,01$) entre progênies (análises individuais e conjunta), evidenciando a presença de variabilidade genética suficiente para obtenção de progresso genético para PG sob as duas condições. Essa população possui em seu *background* genético alta percentagem de participação dos cultivares IAC 25 e IAC 47, portadores do QTL *Pup1*. Nesse sentido, quatro plantas de cada progênie $S_{0:2}$ estão sendo genotipadas, com sete marcadores moleculares codominantes e nove dominantes, específicos para esse QTL, sendo que dois desses permitem identificar alelos respectivos da presença do principal gene *PSTOL1*. Uma vez validado o QTL *Pup1* nessa população, a seleção assistida por marcadores moleculares poderá ser implementada na seleção recorrente visando o aumento da eficiência de uso de P no solo..

¹ Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, bolsista CNPq, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, miriamvidotti@hotmail.com

² Eng. de Alimentos, Ph.D. em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tereza.borba@embrapa.br

³ Eng. Agrônomo, Ph.D. em Solos e Nutrição de Plantas, Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, maria.carvalho@embrapa.br

⁴ Eng. Agrônomo, Ph.D. em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br