

Projeto SecaCereal dos genitores Primavera e Douradão

Artur Gonçalves Rosa Teixeira¹, Tereza Cristina de Oliveira Borba²

No projeto SecaCereal, foram mapeados QTLs na população derivada do cruzamento entre os genitores Primavera e Douradão (PD), utilizando marcadores SSR e SNP. Vários desses QTLs relacionados a produtividade, número de grãos por panícula, esterilidade de espiguetas, peso de 100 grãos, número de dias da emergência ao florescimento, e ao índice de susceptibilidade à seca foram co-localizados em regiões já associadas a caracteres relacionados à tolerância à seca em diferentes populações de arroz. Com base nesses resultados, propõe-se a condução de um mapeamento fino nesta mesma população, e a exploração de outro background genético para identificação de novas combinações alélicas favoráveis, utilizando a população derivada do cruzamento Douradão x Soberana (DS), também gerada no projeto SecaCereal. A população de mapeamento DS, formada de 230 linhas endogâmicas recombinantes, será avaliada a campo, na estação da seca, em experimentos conduzidos em dois ambientes, com e sem deficiência hídrica, no sítio de fenotipagem de tolerância à seca de Porangatu, GO. O ambiente sem deficiência hídrica será caracterizado por condições adequadas de água no solo, - 0,025 MPa a 15 cm de profundidade, durante todo o desenvolvimento das plantas e o outro apenas até aos 30 dias após a emergência, quando será aplicada a deficiência hídrica. As irrigações nos experimentos irrigados adequadamente e durante a fase sem deficiência hídrica dos experimentos estressados serão controladas com tensiômetros; ou seja, serão efetuadas novas irrigações de aproximadamente 25 mm quando o potencial da água no solo, a 15 cm de profundidade, atingir - 0,025 MPa. Serão avaliadas no campo e no laboratório de melhoramento de arroz a produtividade de grãos, a esterilidade de espiguetas, o número de grãos por panícula, a massa de 100 grãos, a floração, altura das plantas e temperatura das folhas. Ao final do experimento serão combinados os dados moleculares e fenotípicos para a identificação de regiões genômicas associadas à tolerância à seca.

¹ Graduando em Agronomia, Uni-Anhanguera, Goiânia, GO, arturgrt2@gmail.com

² Engenheira Agrônoma, Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tereza.borba@embrapa.br