

Validação do Marcador SNP7 para Identificação da Tolerância à Seca em Variedades de Arroz e Plantas F₂ do Cruzamento Douradão x Dinolores⁽¹⁾

Felipe Antônio Oliveira², Rosana Pereira Vianello³, Luana Alves Rodrigues⁴, Adriano Pereira de Castro⁵, João Antônio Mendonça⁶ e Claudio Brondani⁷

¹ Pesquisa financiada pelo SEG/Embrapa.

² Graduando em Agronomia na Uni-Anhanguera, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Biólogo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - A capacidade do arroz de terras altas em suportar o deficit hídrico no estágio reprodutivo é de grande interesse para o desenvolvimento de cultivares no âmbito do programa de melhoramento genético de arroz da Embrapa. Este trabalho objetivou desenvolver um ensaio TaqMan para avaliar a capacidade do marcador SNP7 em discriminar genótipos tolerantes dos suscetíveis à seca, e identificar na progênie de um cruzamento entre parentais contrastantes para esse caráter, as linhagens tolerantes desse cruzamento. Inicialmente foram obtidos os DNAs de 25 genótipos (método de lise alcalina), dos quais 14 apresentaram tolerância à seca e 11 suscetibilidade. Esse desempenho foi baseado na média de três anos de experimentos na Estação Experimental da Emater, em Porangatu, GO. A genotipagem dos 25 materiais com o SNP7 foi realizada em uma reação de 5µl contendo 2,5µl do Master Mix Taqman® GTXpress™, 0,125 µl de tampão 40X, 1,375 µl de água estéril e 1 µl de DNA. As placas de PCR foram seladas com filme adesivo e colocadas no aparelho QuantStudio 7 Flex Real-Time PCR System, utilizando a seguinte programação: 60 °C por 30 segundos, 95 °C por 20 segundos, 50 ciclos de 95 °C por três segundos e 60 °C por 30 segundos, com uma extensão final de 60 °C por 30 segundos. A análise do produto de PCR foi realizada no software Genotyping Analysis Module, V.3.7. O marcador SNP7 foi capaz de discriminar todas as variedades de arroz de terras altas tolerantes à seca (padrão SNP G/G) das suscetíveis (padrão SNP A/A). Caso essa capacidade para identificar genótipos tolerantes também ocorra nas gerações iniciais de populações segregantes do programa de melhoramento, seu uso vai ser ainda mais amplo. Para avaliar essa possibilidade foram cruzados os genitores Douradão, tolerante, e a cultivar introduzida Dinolores, suscetível à seca. Esses parentais são contrastantes para o SNP7 (Douradão tem padrão G/G; Dinolores tem padrão A/A). Foram obtidas mais de 800 plantas F₂ desse cruzamento, e as mesmas estão sendo avaliadas (maio a setembro de 2019) quanto à tolerância à seca na mesma Estação Experimental de Porangatu. Serão identificadas as 20 plantas F₂ mais produtivas e as 20 menos produtivas sob deficit hídrico, e essas 40 plantas F₂ serão genotipadas para o SNP7, a fim de validar o uso do marcador SNP7 em populações segregantes do programa de melhoramento genético do arroz de terras altas da Embrapa.