

Caracterização molecular de linhagens de introgressão do cruzamento interespecífico *Oryza sativa* x *O. Glumaepatula* por marcadores SSR fluorescentes

Melo^{1,2}, ATO; Brondani¹, RPV; Brondani¹, C; Rangel, PN¹; Rangel, PHN¹; Mendonça, JA^{1,2}

¹Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia;

²Universidade Federal de Goiás, Goiânia
arthurmelo66@terra.com.br

Palavras-chave: Cruzamento Interespecífico; Marcadores moleculares; Introgressão Gênica

Os programas de melhoramento de arroz que objetivam aumentar os ganhos genéticos para características de interesse tem a necessidade de ampliar a variabilidade genética de genitores elite. Uma das alternativas é a utilização de linhagens de introgressão, derivadas de cruzamentos interespecíficos, como fonte de novos alelos. Este trabalho teve como objetivo realizar a caracterização molecular de 90 linhagens de introgressão RC_2F_9 , derivadas do cruzamento *O. sativa* Cica-8 x *O. glumaepatula* RS-16. Um total de 89 marcadores SSR marcados com as fluorescências hexacloro-6-carboxifluoresceína (HEX) e 6-carboxifluoresceína (FAM) foram testados para a presença de polimorfismo entre os genitores. Destes, 69 (77%) apresentaram polimorfismo e foram organizados em 18 multiplexes, contendo de 4 a 6 marcadores cada, de acordo com a cor da fluorescência e a amplitude de tamanho dos fragmentos. Os produtos amplificados foram visualizados em analisador automático de DNA ABI 3100. As proporções de introgressão e os genótipos gráficos foram obtidos pelo software CSSL Finder. Em análise preliminar foram utilizados 37 marcadores distribuídos nos 12 cromossomos do arroz, com uma média de 3 marcadores por cromossomo. Foi detectado um total de 88 fragmentos silvestres nas linhagens, variando de 1 (cromossomo 9) a 22 (cromossomo 11). A proporção de introgressão média foi de 3.12%, sendo que a linhagem 55 apresentou a maior proporção (18.92%). Fragmentos heterozigotos foram detectados em 17 linhagens, ou seja, ainda existem locos que não foram fixados. A caracterização das linhagens com maior número de marcadores possibilitará uma estimativa mais precisa da presença e extensão da heterozigose residual. As linhagens serão avaliadas em campo experimental na safra 2007/2008 e os dados fenotípicos para produção e seus componentes, e qualidade de grão, serão associados aos dados moleculares obtidos neste trabalho, via análise de QTLs, a qual será comparada com os resultados da análise de QTLs realizada previamente na geração RC_2F_2 , a fim de verificar a preservação de QTLs de maior efeito nas duas gerações.

Apoio Financeiro: CNPq (Bolsa de IC para A.T.O.M.), e UFG (Bolsa de doutorado para P.N.R.).