

## ANÁLISE GENÉTICA DE VARIEDADES TRADICIONAIS DA COLEÇÃO NUCLEAR DE ARROZ DA EMBRAPA

BUENO, Luíce Gomes; BORBA, Tereza Cristina de Oliveira; BRONDANI, Rosana Pereira Vianello; BRONDANI, Claudio.

Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos/UFG. [www.agro.ufg.br](http://www.agro.ufg.br)

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., análise genética, coleção nuclear.

Na busca por variedades cada vez mais produtivas, o processo de melhoramento genético tem resultado, ao longo das gerações, em um estreitamento da base genética das cultivares comerciais. Apesar da variabilidade genética armazenada em bancos de germoplasma, a deficiência das informações disponíveis dos recursos genéticos de arroz constitui o principal fator que limita a utilização destes por programas de melhoramento. Para que a conservação e utilização sejam eficientes, é preciso determinar a extensão da variabilidade genética entre e dentro dos genótipos, identificar fontes úteis de tolerância a estresses bióticos e abióticos e providenciar um acesso fácil à informação do banco de germoplasma. O uso de ferramentas biotecnológicas associadas aos métodos convencionais de melhoramento proporcionam uma exploração mais eficiente dessa variabilidade. Nesse sentido, o presente trabalho tem por objetivo caracterizar molecular e agronomicamente acessos e determinadas combinações híbridas de variedades tradicionais da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE). A análise genética molecular será realizada a partir de 42 marcadores selecionados com base na alta especificidade de amplificação e potencial informativo de cada loco. Para as avaliações agronômicas, serão conduzidos experimentos em sete locais empregando-se o delineamento de blocos aumentados de Federer. Serão realizadas análises de variância individuais, seguidas por análise conjunta desses experimentos, permitindo a estimação dos efeitos de interações de genótipo com ambiente. Os dados genotípicos serão avaliados, realizando-se análises de parâmetros populacionais (variabilidade genética entre e dentro de populações, e determinação do número de alelos por loco), distância genética, construção de dendrogramas e construção de gráfico de dispersão espacial.