

Ampliação da variabilidade genética de genes relacionados a produção em arroz por meio da metodologia de AB-QTLs em cruzamento *Oryza sativa* x *O. glumaepatula*

Melo, ATO^{1,2}; Rangel, PN¹; Brondani, C¹; Rangel, PHN¹; Brondani, RPV¹; Mendonça, JA^{1,2}

¹Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia; ²Universidade Federal de Goiás, Goiânia
arthurmelo66@gmail.com

Palavras-chave: Cruzamento interespecífico; melhoramento genético; marcadores SSR; recursos genéticos

Os ganhos genéticos para produção em arroz estão estagnados em 1% ao ano nos programas de melhoramento de arroz no mundo todo. A principal causa apontada é a redução da variabilidade genética para genes relacionados à produção. Este trabalho objetivou identificar genes e alelos com potencial de aumento da produção em arroz oriundos da espécie silvestre nativa do Brasil *Oryza glumaepatula*. Utilizando a metodologia de AB-QTLs, foram obtidas 112 linhagens RC₂F₉, derivadas do cruzamento *O. sativa* Cica-8 x *O. glumaepatula* RS-16, avaliadas para produção em experimento em lattice. Um total de 88 marcadores SSR fluorescentes foram testados para a presença de polimorfismo entre os genitores. Destes, 65 (74%) apresentaram polimorfismo e foram organizados em multiplexes, distribuídos 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. A análise de variância e a comparação das médias de produção foram realizadas pelo programa Genes. As proporções de introgressão do genoma de *O. glumaepatula* e os genótipos gráficos foram obtidos pelo software CSSL Finder e a análise de QTL foi feita pelo software QGene versão 2.30 utilizando o método de regressão por marca simples. Os 65 marcadores foram distribuídos nos 12 cromossomos do arroz, com média de 5,4 marcadores por cromossomo. A média de introgressão de alelos silvestres foi de 14,2%, variando de 7,7% a 24,6%, e o número de fragmentos cromossômicos de *O. glumaepatula* de um (linhagem 64) a 13 (linhagem 60). O teste de comparação de médias mostrou que nenhuma linhagem apresentou produção estatisticamente superior à cultivar Cica-8 e que a linhagem mais produtiva foi a 65, com média de 8.400 kg/ha. A análise de QTL identificou dois marcadores associados à produção nos cromossomos 5 (RM267) e 6 (RM30), apresentando efeitos positivos dos alelos de Cica-8 e RS-16, respectivamente. Esses marcadores já tinham sido anteriormente associados à produção nas linhagens de introgressão provenientes do cruzamento interespecífico *O. sativa* BG90-2 x *O. glumaepatula* RS-16, havendo forte indicativo da presença de genes e alelos silvestres relacionados a produção que podem ser identificados a partir de mapeamento fino de QTLs nas regiões genômicas adjacentes aos dois SSRs. A linhagem mais produtiva (65) apresentou média de introgressão de 7,09% e alelo de Cica-8 para o marcador RM267 e de RS-16 para o marcador RM30, corroborando a contribuição positiva desses alelos para a produção. Esta linhagem foi indicada como genitora para o programa de melhoramento do arroz e para o cruzamento com Cica-8, objetivando o mapeamento fino de QTL na região do marcador RM30, para a identificação do gene ou fator de transcrição oriundo de *O. glumaepatula*, a partir do qual será desenvolvido marcador específico para seleção assistida.

Orgão financiador: CNPq.