



CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E AGRÔNOMICA DE LINHAGENS E CULTIVARES DA COLEÇÃO NUCLEAR DE ARROZ DA EMBRAPA

Tereza Cristina de Oliveira Borba¹, Claudio Brondani¹, Rosana Pereira Vianello
Brondani¹, Paulo Hideo Nakano Rangel¹, Luice Gomes Bueno²

¹Embrapa Arroz e Feijão – tereza@cnpaf.embrapa.br, brondani@cnpaf.embrapa.br, rosanavb@cnpaf.embrapa.br,
phrangel@cnpaf.embrapa.br; ²Universidade Federal de Goiás – Pós-graduação em Agronomia - lugobueno@bol.com.br

Palavras-chave: Arroz, recursos genéticos, marcadores moleculares, caracterização agrônômica

A coleção nuclear de arroz da Embrapa (CNAE) é constituída por 550 acessos representando 10000 acessos de arroz conservados no BAG da Embrapa Arroz e Feijão. Este trabalho teve como principais objetivos a caracterização molecular e agrônômica dos 242 acessos dos estratos de acessos melhorados no Brasil e exterior da CNAE, a determinação da estrutura genética, a obtenção de uma mini coleção nuclear e a construção de um painel multiplex de marcadores fluorescentes. Os 86 SSR identificaram 1006 alelos, com média de 12,4 alelos/loco e PIC médio de 0,75. O conjunto de SSR não identificou acessos geneticamente idênticos. Os acessos foram avaliados em *bulk* de DNA de quatro plantas, o que possibilitou a detecção de heterogeneidade para pelo menos um marcador em 67% dos acessos. A análise de estrutura genética identificou dois padrões: o primeiro formado por dois subgrupos, de acordo com o sistema de cultivo (irrigado ou terras altas), e o segundo formado por quatro subgrupos, de acordo com o tipo de cultivo e a origem dos acessos (Brasil ou exterior). Entre os subgrupos, o que apresentou maior variabilidade foi o melhorado no exterior com cultivo irrigado, apresentando maiores valores de distância genética média, número médio de alelos e de alelos privados. A mini coleção nuclear foi estabelecida com os 24 acessos de maior valor de distância genética média e poderá ser utilizada como controle em experimentos de campo e estudos de caracterização molecular. O painel composto por 24 SSR arranjados em quatro multiplexes distinguiu todos os 242 acessos, apresentou uma média de 15,4 alelos/loco e PIC médio de 0,80. A avaliação agrônômica, conduzida em nove locais, permitiu a identificação de acessos com produtividade diferenciada. Entre os acessos com maior produtividade no sistema de cultivo irrigado tropical estão o BRSBiguá e METICA1 com 8983 e 8816 kg/ha, respectivamente. Já no sistema de cultivo irrigado subtropical, os acessos que mais se destacaram foram o TNAU 26861 e o EMPASC104 com 9439 e 8320 kg/ha, respectivamente. Quando avaliados no sistema de cultivo de terras altas, os acessos que mais se destacaram foram o IAC165 e o CT1357032 com 4246 e 3917 kg/ha, respectivamente. O perfil molecular dos 242 acessos compõe um banco de dados em que a variabilidade genética de cada acesso pode ser relacionada com seu respectivo desempenho agrônômico.

Fontes financiadoras: CNPq, Embrapa Arroz e Feijão