

## Estudo da variabilidade genética de acessos asiáticos de *Oryza sativa* L. do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa

BENICIO, CG<sup>1,3</sup>; BORBA, TCO<sup>1,2</sup>; VIANELLO, RP<sup>1,2</sup>; BRONDANI, C<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão

<sup>2</sup>Pesquisador Embrapa Arroz e Feijão

<sup>3</sup>Estudante de Mestrado  
crityene@gmail.com

**Palavras-chave:** *Oryza sativa*, variabilidade genética, marcadores SSR, coleções nucleares, recursos genéticos vegetais.

No Brasil, o arroz é cultivado em todo território e ocupa posição de destaque sócio-econômico entre as culturas anuais. Estima-se que existam mais de 400.000 acessos de arroz em bancos de germoplasma do mundo todo. Grande parte destes enfrenta problemas relacionados ao tamanho e dificuldade para sua organização. Logo, seus propósitos de conservação e utilização da diversidade genética por programas de melhoramento são obstruídos. Assim, idealizou-se a criação de coleções nucleares, representando aproximadamente 70% da variabilidade original dos bancos, em um número reduzido de acessos. Uma das características mais importantes das coleções nucleares é sua dinamicidade, permitindo a incorporação ou exclusão de acessos mesmo após seu estabelecimento e validação. Entre as ferramentas disponíveis para caracterização de acessos de germoplasma encontram-se os marcadores moleculares. Dentre as classes disponíveis, encontram-se os SSR (*Simple Sequence Repeats*), considerados ideais à caracterização molecular de recursos genéticos, por serem codominantes, abundantes, multialélicos e altamente polimórficos. Em 2002 foi estabelecida a Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE), composta por 550 acessos representativos da variabilidade genética de 10.000 acessos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa. Como parte do esforço rotineiro de avaliação de germoplasma de arroz da Embrapa, o objetivo deste trabalho foi determinar a variabilidade genética de um conjunto de acessos provenientes do International Rice Research Institute (IRRI). Foram caracterizados, através de 24 marcadores SSR fluorescentes, 146 acessos asiáticos de arroz do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa. Cada acesso foi representado por um bulk de quatro plantas. Um total de 320 alelos foi identificado, 23% deste total representaram alelos presentes em um único acesso (alelos privados). O marcador que detectou o maior número de alelos privados foi o RM257 com nove. Os alelos privados foram identificados em 34% dos acessos analisados, com o acesso DON LAI apresentando o maior número (6). O número médio de alelos/marcador foi de 13,4 e o valor médio de PIC foi de 0,78. Estes dados são bastante expressivos e indicativos da alta variabilidade genética do grupo de acessos avaliado. Foram identificados 40 acessos heterogêneos (27%), ou seja, acessos que apresentaram mais de dois alelos/marcador. Entre os acessos heterogêneos merecem destaque especial IR65251-19-1-B, IR53236-275-1 e ICOXI-B-34-7-CK-S-TB-2, com três marcadores heterogêneos cada. A distância genética média de Rogers modificada por Wright foi 0,79 e a probabilidade de identidade combinada  $1,5 \times 10^{-23}$ . No conjunto de 146 acessos não foi identificada estruturação populacional, além de não terem sido identificados pares de genótipos idênticos. A utilização de SSR permitiu a determinação da relação genética entre os acessos, além disso, possibilitou que importantes parâmetros genéticos fossem estimados. Estes valores, juntamente com os dados de caracterização agrônoma, serão utilizados para selecionar fontes de variabilidade genética para o programa de melhoramento e para a CNAE.