

Avaliação genotípica de linhagens e cultivares brasileiras e introduzidas da coleção nuclear de arroz da Embrapa por meio da caracterização agronômica e molecular

Bueno, LG¹; Brondani, C²; Coelho, ASG¹; Borba, TCO²; Oliveira, JP²

¹ Setor de Melhoramento de Plantas, Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás

² Laboratório de Biotecnologia, Embrapa Arroz e Feijão
lugobueno@bol.com.br

Palavras-chave: germoplasma, diversidade genética, caracterização agronômica, caracterização molecular, SSR.

Introdução: A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) foi concebida para representar a coleção ativa de germoplasma de arroz da Embrapa, em uma amostra contendo a maior parte de sua variabilidade genética. A eficiência de utilização dos acessos de bancos de germoplasma das culturas de importância econômica, como o arroz, pode ser incrementada ao serem agregadas informações detalhadas de seus respectivos desempenhos para características de interesse agronômico. Para tanto deve-se considerar não somente a variabilidade presente no genoma de cada acesso, a qual tem permitido determinar com precisão o nível de similaridade entre genótipos, mas também avaliar a expressão dessa variabilidade a campo, que para a cultura do arroz, sensível ao fotoperíodo, possui diferenças fenotípicas marcantes quando um acesso é cultivado em diferentes ambientes. **Objetivo:** Avaliar a diversidade genética de Linhagens e Cultivares Brasileiras (LCB) e do exterior (LCI) da CNAE, por meio de caracteres agronômicos e marcadores moleculares SSR. **Métodos:** Foram utilizados 133 acessos pertencentes ao sistema de cultivo sequeiro da CNAE, para os quais foram consideradas as avaliações de cinco caracteres agronômicos, em nove experimentos distribuídos pelo Brasil e a caracterização com 86 marcadores SSR. **Resultados:** O caráter que mais contribuiu para a divergência genética do grupo de acessos avaliados foi a produtividade de grãos (34,9%). Pela análise de componentes principais dos acessos, 76,9% da variância total pode ser explicada pelos três primeiros componentes. Observou-se que a partir da distância euclidiana média houve a formação de dez grandes grupos considerando-se uma distância correspondente a 50% da maior distância entre grupos de acessos. As estimativas das distâncias genéticas com base nos dados agronômicos variaram de 0,03 a 4,31. As maiores e menores distâncias verificadas foram para os pares de acessos CNA0003005 e CNA0006030, e IAC_201 e IAPAR_63, respectivamente. Com base nos resultados obtidos via marcadores moleculares, não houve a formação de grupos homogêneos até uma distância correspondente a 60% da maior distância entre acessos, evidenciando a não ocorrência de redundância entre eles. A análise comparativa entre as matrizes de distâncias genéticas molecular e fenotípica apresentou pelo teste Z de Mantel uma correlação de 0,04, ($P < 0,05$). **Conclusões:** A análise comparativa agronômica e molecular mostrou que existe certo grau de relacionamento entre medidas de diversidade de distintos conjunto de dados, sendo coincidente em alguns casos, acessos que apresentam maiores distâncias genéticas, também apresentarem maiores distâncias fenotípicas. Os marcadores moleculares propiciam novas informações acerca da estrutura genética da CNAE, no entanto, o maior aproveitamento da variabilidade encontrada entre acessos, pelos programas de melhoramento vegetal, depende de quanto ela se correlaciona com a variabilidade fenotípica para características de interesse. Este trabalho sugere a realização inicialmente da caracterização molecular para selecionar os acessos mais divergentes, para em seguida serem caracterizados agronomicamente. **Apoio financeiro:** Embrapa Arroz e Feijão, CNPq.