

## Variabilidade genética de acessos asiáticos de arroz pertencentes ao banco ativo de germoplasma da Embrapa

*Cristyene Gonçalves Benicio<sup>1</sup>, Tereza Cristina de Oliveira Borba<sup>2</sup>, Rosana Pereira Vianello Brondani<sup>3</sup>, Cláudio Brondani<sup>4</sup>*

As coleções nucleares (CNs) representam uma alternativa para a exploração eficaz de recursos genéticos disponíveis em bancos de germoplasma. Elas são constituídas por um número reduzido de acessos, e por definição, representam no mínimo 70% da variabilidade genética existente na coleção original. CNs possuem intensa dinamicidade, permitindo a incorporação ou exclusão de novos acessos mesmo após seu estabelecimento e validação. O objetivo deste trabalho foi caracterizar, através de 24 marcadores SSR fluorescentes, 146 acessos asiáticos de arroz do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão. Cada acesso foi representado por um *bulk* de DNA de quatro plantas. Um total de 320 alelos foi identificado, sendo 73 (23%) alelos privados (presentes em um único acesso). 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 por marcador foi de 13,4. O valor médio de PIC foi de 0,78, o que é um número bastante expressivo, e é um indicativo da alta variabilidade genética do grupo de acessos avaliado. Foram identificados 40 acessos heterogêneos (27%), ou seja, com mais de dois alelos por loco. A distância genética média de Rogers modificada por Wright foi de 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 marcadores 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 agrônômica dos acessos, serão utilizados para selecionar fontes de variabilidade genética para o programa de melhoramento e para a Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE).

<sup>1</sup> Bióloga, Mestranda em Biotecnologia, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santos Antônio de Goiás, GO, [cristyene@gmail.com](mailto:cristyene@gmail.com)

<sup>2</sup> Engenheira de Alimentos, Doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santos Antônio de Goiás, GO, [terezac@cnpaf.embrapa.br](mailto:terezac@cnpaf.embrapa.br)

<sup>3</sup> Bióloga, Doutora em Biologia Molecular Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santos Antônio de Goiás, GO, [rosanavb@cnpaf.embrapa.br](mailto:rosanavb@cnpaf.embrapa.br)

<sup>4</sup> Engenheiro agrônomo, Doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santos Antônio de Goiás, GO, [brondani@cnpaf.embrapa.br](mailto:brondani@cnpaf.embrapa.br)