

Desenvolvimento de uma Coleção Nuclear Base de Arroz

Bruna Carla Fagundes Crispim¹, Aluana Gonçalves de Abreu², Erico de Campos Dianese³, Paulo Hideo Nakano Rangel⁴

O Banco Ativo de Germoplasma de Arroz da Embrapa (BAG Arroz) possui um acervo de 27.006 acessos. A conservação e o uso sustentável desse germoplasma é uma das questões mais importantes para o nosso país. Além do aumento da população brasileira, as mudanças climáticas em curso deverão pressionar para modificações significativas em nossa agricultura. O acesso à variabilidade genética armazenada em bancos de germoplasma de culturas de importância econômica, como o arroz, tem sido incrementado nos últimos anos. Os dois principais motivos foram o acesso a técnicas de caracterização por marcadores moleculares e a necessidade de ampliação da base genética dos materiais utilizados pelos programas de melhoramento dessas espécies, devido à estagnação dos patamares de produtividade alcançados. Dessa forma, o acesso às informações da variabilidade genética em nível de DNA tem permitido determinar com precisão o nível de similaridade entre genótipos e a possibilidade de se inferir o grau de relacionamento genético entre eles, antes impossível de ser determinado utilizando apenas os descritores morfológicos mínimos. Entre as características agrônomicas, focadas pelos programas de melhoramento de arroz, o desenvolvimento de linhagens com resistência estável à brusone, é uma das mais importantes. A partir desse questionamento, buscou-se desenvolver uma Coleção Nuclear Base de Arroz (CNBA), oriunda da Coleção Acessos de Arroz (CAA), composta por variedades tradicionais brasileiras, fontes internacionais de resistência à brusone, acessos da coleção nuclear temática para tolerância à seca e acessos introduzidos, com a finalidade fenotípica para resistência à brusone. A CAA, constituída por cerca de 1.561 acessos, foi genotipada utilizando um chip de DNA (*Illumina BeadChip* OSBR), composto de 3.742 SNPs distribuídos pelos 12 cromossomos da espécie. Com o objetivo de se avaliar a existência de subgrupos (*indica* e *japônica*), os 1.561 genótipos foram avaliados através do software Structure. Valores a posteriori dos parâmetros de interesse foram obtidos utilizando-se dos procedimentos de Monte Carlo, baseados em Cadeias de Markov, implementados neste software. Para tanto foram descartados os primeiros 10.000 passos (burn-in) do processo de randomização, tendo sido utilizados 100.000 passos para a amostragem final. Durante o processo de estimação admitiu-se a possibilidade de ocorrência de genótipos resultantes de cruzamentos entre subpopulações (*admixture model*). O software Structure Harvester v. 0.6, foi utilizado para se determinar o número efetivo de subgrupos (K) na população. Foram avaliados valores de K entre 2 e 4, com dez repetições para cada. A partir da genotipagem foram selecionados 301 acessos, divididos em quatro subgrupos, todos compostos pelos indivíduos mais divergentes de cada critério. O primeiro subgrupo foi selecionado com base em informações sobre resistência à brusone coletadas na literatura científica; o segundo foi composto por uma amostra de variedades tradicionais de arroz coletadas em todo o território brasileiro; o terceiro, de acessos de arroz *indica* e *japônica* oriundos de várias partes do mundo; e o quarto, de acessos que compõem a coleção nuclear temática para tolerância à seca, a fim de agregar valor a essa coleção. Os dados obtidos permitiram a) classificar os acessos de acordo com o background genético (*indica* e *japônica*); (b) selecionar os acessos mais divergentes geneticamente; c) identificar os acessos duplicados e realizar testes formais de identidade genética; e d) desenvolver uma Coleção Nuclear de Base de Arroz (CNBA), composta por uma amostra de cerca de 20% da CAA, que retém cerca de 80% da diversidade genética que será fenotipada para resistência à brusone. A CNBA será fenotipada com os patótipos mais prevalentes de *Magnaporthe oryzae*, com a finalidade de desenvolver uma Coleção Nuclear Temática de Arroz para resistência à brusone.

¹ Engenheira-agrônoma, doutoranda em Agronomia na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, brunacarlafagundes@hotmail.com

² Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

³ Engenheiro Florestal, doutor em Fitopatologia, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, edianese@ufg.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paulo.hideo@embrapa.br