

Seleção assistida para o QTL Pup1 para tolerância à deficiência de fósforo em progênies da população base CNA9

Jenyffer Karoline Leite Borges¹, Matheus Moura Quixabeira², Sylvana de Paiva Pinto Costa³, Raquel Neves de Mello⁴, Aluana Gonçalves de Abreu⁵, Tereza Cristina de Oliveira Borba⁶, José Manoel Colombari Filho⁷, Luana Alves Rodrigues⁸

O fósforo (P) é um dos nutrientes minerais mais importantes para o crescimento e desenvolvimento das plantas, sendo o segundo mineral que mais limita a produção de grãos. O Cerrado brasileiro apresenta-se como a região de maior potencial para a expansão da agricultura nacional, porém, caracteriza-se pela existência de fatores limitantes à produtividade, como o baixo teor de fósforo (P) nos solos. Assim, o melhoramento genético para adaptação ao baixo teor de P seria a alternativa de menor custo repassada ao produtor. Foram utilizados três marcadores dominantes (K-41, K-46.1, K-59) para a identificação do QTL Pup1 na população CNA9 em progênies $S_{0;2}$. Estes marcadores estão localizados em um grande indel presente na cultivar Kasalath (tolerante à deficiência de fósforo), estando posicionados nas extremidades (K-41 e K-59) e no meio (K-46.1) do indel. Os marcadores foram analisados em géis de agarose 2,5% e corados com brometo de etídeo (10 mg/ml). Cinco plantas individuais coletadas de cada progênie foram analisadas em bulk para a verificação da presença dos alelos favoráveis à tolerância à deficiência de fósforo, e a cultivar Nipponbare foi utilizada como controle negativo. Entre as 137 progênies avaliadas, somente dez não apresentaram nenhum dos alelos favoráveis para os três marcadores e 27 apresentaram um ou dois alelos favoráveis entre os marcadores. Um total de 100 progênies apresentou a presença dos três alelos favoráveis, fato que pode ser explicado pela seleção anterior baseada em dados derivados de ensaios de campo e que podem ter auxiliado no aumento da frequência dos alelos desejados (a população possui parentais com alelos favoráveis). A disponibilidade de dados referentes à presença de alelos favoráveis será utilizada em conjunto com os dados derivados de ensaios de campo para a complementação das informações de cada progênie e, assim, otimizar o processo de seleção. A próxima etapa de seleção prevê a análise de plantas individuais S_0 , pois cada uma das plantas selecionadas representará todos os alelos presentes dentro das progênies S_1 e S_2 .

¹ Estudante de Biologia da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jenyfferkaroline@gmail.com

² Estudante de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, matheusmoura31@hotmail.com

³ Zootecnista, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, sylvana.costa@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, raquel.mello@embrapa.br

⁵ Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

⁶ Engenheira de Alimentos, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tereza.borba@embrapa.br

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br

⁸ Bióloga, doutora em Agronomia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luana.rodrigues@embrapa.br