

VARIAÇÃO GENÉTICA ENTRE CICLOS DA POPULAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE CNA-IRAT 4 POR MARCADORES SSR.

PINHEIRO¹, L.S., BRUNES², T. O., BRONDANI³, R.P.V., RANGEL⁴, P.H.N., BRONDANI³, C.

INTRODUÇÃO: A produção do arroz duplicou entre 1966 e 1990, e uma das razões foi o lançamento de cultivares altamente produtivas. Contudo, o uso de genótipos elite nos programas de melhoramento reduziu a variabilidade genética disponível para a seleção. Esta redução da variabilidade genética tem sido apontada como a principal causa do platô de produtividade alcançado em muitos países, em adição ao aumento da suscetibilidade a doenças e insetos. A estagnação da produtividade ocorre juntamente com um cenário futuro que inclui o aumento da população, a redução da área agricultável devido a degradação dos recursos naturais e o aumento da urbanização. É necessário, portanto, ampliar a base genética de linhagens de arroz que possuam maior produtividade e estabilidade da produção, a qual permitirá o surgimento de novas combinações alélicas favoráveis, obtidas a partir da seleção genética em programas de melhoramento. Um dos métodos de melhoramento populacional que possibilita, de modo sistemático, a geração e seleção destas combinações favoráveis, é a seleção recorrente, descrita por Hull (1945), como o intercruzamento e re-seleção das melhores famílias, geração após geração, melhorando a média populacional e produzindo linhagens melhoradas com base genética ampla. O programa de seleção recorrente em arroz no Brasil iniciou em 1990, com a formação da população CNA-IRAT 4, obtida a partir do intercruzamento de 10 genótipos de arroz, dentre eles a cultivar IR-36, portadora do gene da macho-esterilidade, o qual permite a recombinação a campo, sem a necessidade de cruzamentos manuais. SCS BRS 113 - Tio Taka, a primeira cultivar de arroz lançada a nível mundial oriunda de um programa de seleção recorrente, foi extraída do Ciclo 2 de recombinação da CNA-IRAT 4. O objetivo do presente trabalho foi caracterizar por marcadores SSR (Simple Sequence Repeats) os genitores e amostra dos indivíduos do Ciclo 1 e Ciclo 5, com a finalidade de determinar o nível de variabilidade genética presente nos diferentes ciclos da população CNA-IRAT 4.

MATERIAL E MÉTODOS: Neste estudo foram avaliados os 10 genitores que originaram a população CNA-IRAT 4 (BG 90-2, CNA 7, CNA 3815, CNA 3848, CNA 3887, Colômbia 1, Eloni, Nanicão, UPR 103 e IR-36), 96 indivíduos do Ciclo 1 e 96 indivíduos do Ciclo 5 desta mesma população. Foram utilizados 14 marcadores SSR para a caracterização dos genótipos, escolhidos com base no seu

¹ Estudante de Mestrado na UFG em Agronomia, Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, CEP 75375-000, Sto. Antônio de Goiás, GO. Fone (62) 35332128. let@cnpaf.embrapa.br.

² Estudante de Biologia da UCG, Universidade Católica de Goiás. Goiânia - GO.

³ Pesquisador Doutora em Biologia Molecular, Embrapa Arroz e Feijão, Sto. Antônio de Goiás, GO.

⁴ Engenheiro Agrônomo, Doutor em Biologia Molecular, Embrapa Arroz e Feijão. Sto. Antônio de Goiás, GO

alto conteúdo informativo, bom padrão de resolução em gel de acrilamida, e por representarem os 12 grupos cromossomos do arroz (Tabela 1). A eletroforese dos produtos de amplificação dos marcadores SSR foi realizada em géis de acrilamida desnaturante 6% coradas com nitrato de prata. Foram estimados o número de alelos, PIC (Polymorphism Information Content) e alelos privados pelo programa GDA. A distribuição espacial dos genótipos avaliados foi obtida com a análise fatorial de correspondência utilizando o programa Genetix.

RESULTADOS E DISCUSSÃO: A análise dos 10 genitores com 14 marcadores SSR identificou em média 5 alelos por loco, variando de 3 alelos (RM223 e 4653) a 8 alelos (OG17); e PIC médio de 0,69, variando de 0,36 (RM223) a 0,91 (OG17) (Tabela 1). No Ciclo 1 foram encontrados em média 4,43 alelos por loco e PIC médio= 0,57, e no Ciclo 5, foram identificados 4,71 alelos por loco e PIC médio= 0,54.

Tabela 1: Número de Alelos e valores de PIC por loco para os genitores e cada ciclo de Seleção Recorrente da população CNA IRAT-4. Valores entre parênteses: Número de alelos ausentes nos genitores e presentes nos Ciclos 1 e 5.

SSR	Número de Alelos			PIC ($1 - \sum p_i^2$)		
	Genitores	Ciclo 1	Ciclo 5	Genitores	Ciclo 1	Ciclo 5
OG7	4	2	3	0,51	0,38	0,35
OG17	8	6 (2)	4 (1)	0,91	0,64	0,43
OG61	6	4	8 (4)	0,86	0,58	0,56
OG106	6	6 (2)	5	0,80	0,68	0,77
RM9	5	5 (1)	6 (3)	0,78	0,59	0,71
RM11	5	4 (1)	5 (2)	0,63	0,50	0,56
RM38	4	2	5 (2)	0,50	0,15	0,25
RM207	6	8 (3)	7 (4)	0,74	0,70	0,80
RM223	3	3	3	0,36	0,43	0,30
RM224	6	7 (2)	7 (2)	0,84	0,80	0,73
RM229	4	3	2	0,74	0,57	0,35
RM257	5	4 (2)	6 (4)	0,72	0,73	0,74
4653	3	5 (4)	3 (2)	0,61	0,70	0,54
RM247	5	3	2	0,72	0,51	0,47
Total	70	62	66	-	-	-
MÉDIA	5	4,43	4,71	0,69	0,57	0,54

Observa-se que o número médio de alelos por loco sofreu pouca alteração entre os genitores, indivíduos do Ciclo 1 e indivíduos do Ciclo 5. Contudo, este resultado deveu-se à não detecção de alelos que estavam presentes nos pais mas não apareciam nos 96 indivíduos dos Ciclos 1 e 5, e ao surgimento de alelos que não foram detectados nos genitores, e que foram detectados nos indivíduos dos Ciclos 1 e 5. Dos 70 alelos totais detectados nos genitores, 45 alelos (64%) permaneceram

no Ciclo 1 e 42 (60%) permaneceram no Ciclo 5. Ao todo foram observados 62 alelos no Ciclo 1, sendo 17 destes não identificados nos genitores. No Ciclo 5 detectou-se um total de 66 alelos, sendo 24 alelos destes não identificados nos genitores. Os locos RM223, RM229 e RM247 não apresentaram alelos ausentes nos genitores em ambos os ciclos. O loco 4653 no Ciclo 1 apresentou 4 alelos ausentes nos genitores, de um total de 5. Para o Ciclo 5 este número foi de 2 alelos ausentes para um total de 3 alelos (Tabela 1).

Os alelos ausentes nos genitores e presentes nos Ciclos 1 e 5 surgiram devido à utilização do gene da macho-esterilidade para a recombinação entre genótipos, o qual possibilita que ocorra a fecundação por pólen oriundo de outros genótipos plantados em áreas adjacentes à população CNA-IRAT 4. Também foi observado o aparecimento de 4 alelos dos genitores que não estavam presentes no Ciclo 1 mas que reapareceram no Ciclo 5, o que equivale a apenas 5,71% dos alelos dos genitores, e indica que a amostragem de 96 indivíduos por ciclo de seleção recorrente é adequada para inferir a variação na frequência alélica entre os diferentes ciclos.

O PIC médio teve comportamento diferente da média de alelos, pois a partir dos genitores, os valores foram decrescentes até o Ciclo 5. Para três marcadores SSR (RM223, 4653 e RM257), o PIC do Ciclo 1 foi superior ao PIC dos genitores. No Ciclo 5, o PIC dos marcadores RM223 e 4653 voltou ao nível dos genitores sendo que o marcador RM257 apresentou PIC ligeiramente superior ao dos genitores. O PIC do RM207 no Ciclo 5 foi superior em relação aos genitores e ao Ciclo 1. Considerando o conjunto de marcadores, os valores de PIC ficaram praticamente inalterados entre os Ciclos 1 e 5 (Tabela 1).

A Análise Fatorial de Correspondência apresentou o grupo de genitores bem distribuídos espacialmente. BG 90-2, CNA3815 e CNA3848 estiveram próximos entre si e próximos dos indivíduos dos Ciclos 1 e 5, indicando uma tendência de viés em relação a estes genitores, causado provavelmente pela maior capacidade de combinação destes genitores em relação aos demais genitores (Figura 1). Os indivíduos do Ciclo 1 formaram um grupo distinto dos indivíduos do Ciclo 5, os quais apresentaram maior dispersão espacial que aqueles do Ciclo 1, justamente o contrário do que era esperado. A redução da variabilidade genética em populações de seleção recorrente é esperada porque uma vez que são selecionados, após cada ciclo de recombinação, os genótipos que possuem as melhores combinações de alelos, este é um processo que envolve a perda ou redução da frequência de alelos desfavoráveis. Em contrapartida, espera-se que haja um conseqüente aumento do valor fenotípico das características agrônômicas após a seleção genética em cada ciclo. Apesar da maioria dos marcadores SSR não estarem associados a genes, e com isto serem considerados neutros, existe a probabilidade de estarem ligados a genes responsáveis pela característica sob seleção. Este é um caso bastante frequente em espécies autógamas, como o arroz, onde existe forte desequilíbrio de ligação (Ford-Lloyd et al. 1997). Contudo, a maior dispersão observada nos indivíduos do Ciclo 5 foi devida provavelmente a dois fatores: o efeito da recombinação dos alelos, que aumenta à medida que avançam os ciclos de seleção recorrente, e à adição de 24 alelos ausentes nos genitores.

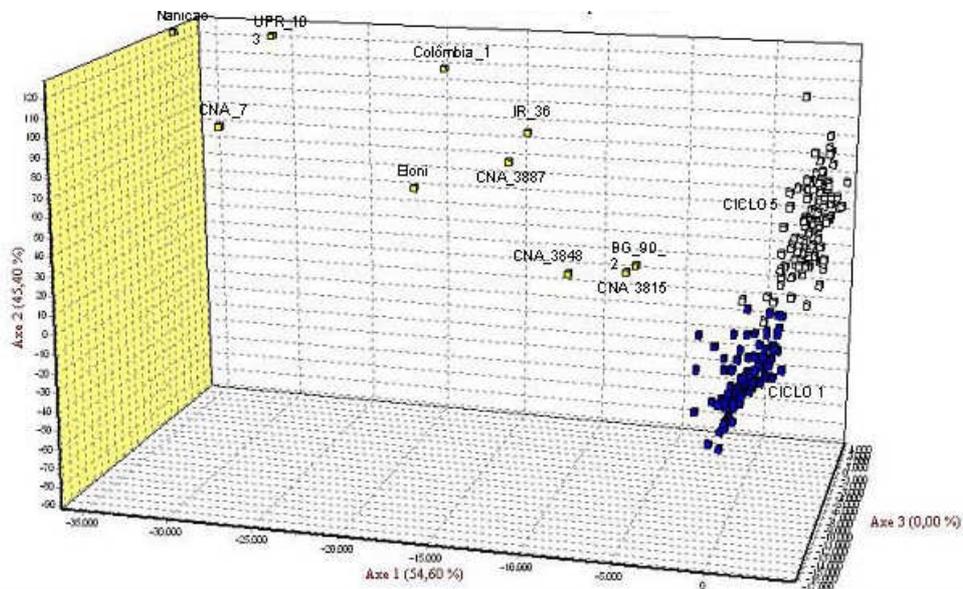


Figura 1: Distribuição espacial da variabilidade genética dos genitores (amarelo) e indivíduos dos Ciclos 1 (branco) e 5 (azul) da população de Seleção Recorrente CNA-IRAT 4.

CONCLUSÕES: Apenas um ciclo de recombinação e seleção garantiu o surgimento de genótipos distintos da maioria dos genitores, e após cinco ciclos de recombinação e seleção, os indivíduos apresentaram maior distância genética entre si, provavelmente devido às sucessivas recombinações e ao acúmulo de alelos ausentes nos genitores, oriundos de fertilização por genótipos de arroz plantados em áreas adjacentes à população CNA-IRAT 4.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Ford-Lloyd, B.V. ; Jackson, M.T.; Newbury, H.J. Molecular markers and the management of genetic resources in seed genebanks: a case study of rice. In: Callow JA, Ford-Lloyd BV and Newbury HJ (eds.) **Biotechnology and plant genetic resources – conservation and use**. CAB, Wallingford, p. 103-118, 1997.

HULL, F.H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **Journal American Society of Agronomy**, v.37, p.137-145, 1945.