

Caracterização molecular de linhagens de arroz componentes do ensaio de vcu do ano 2010/2011

Ueric José Borges de Souza¹, Adriano Castro, Tereza Cristina de Oliveira Borba²

Os programas de melhoramento genético de arroz geram anualmente um grande número de linhagens. Para lançamento como nova cultivar, as linhagens devem ser conduzidas em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Paralelamente aos ensaios de VCU as linhagens selecionadas são caracterizadas utilizando-se de descritores, entre os descritores que podem ser utilizados para a caracterização destacam-se os moleculares e, entre esses, os microssatélites. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética de linhagens e cultivares de arroz componentes do ensaio de VCU de terras altas do ano agrícola 2010/2011, pertencentes do programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão. Foram analisadas 14 linhagens e cinco cultivares, todas representadas por um grupo de quatro plantas. Na análise genética foram utilizados 24 marcadores microssatélites distribuídos em quatro painéis. Desses, 23 foram polimórficos e um apresentou perfil monomórfico (RM252), sendo desconsiderado para as análises subsequentes. Um total de 94 alelos foi identificado, e entre os alelos identificados, 12 (13%) foram classificados como sendo privados ou exclusivos. O Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) apresentou uma média de 0,39. A probabilidade de identidade foi de $6,27 \times 10^{-9}$. A distância genética média de Rogers modificada por Wright obtida entre diferentes linhagens e cultivares foi de 0,62, indicando uma divergência mediana entre estas. A utilização de marcadores SSR permitiu a determinação da relação genética entre as linhagens e cultivares.

¹ Estudante de graduação em Ciências Biológicas, Estagiário, biotecnologia, uericjose@gmail.com

² Engenheira de alimentos, Doutora em Genética e Melhoramento de plantas, pesquisadora, biotecnologia, tereza@cnpaf.embrapa.br