Tolerância à deficiência de P: divergência genética em famílias da população-base CNA9

Mariana Machado dos Anjos¹, Geovane De Souza Flávio ², José Manoel Colombari Filho³, Tereza Cristina de Oliveira Borba⁴

O Cerrado brasileiro apresenta-se como a região de maior potencial para expansão da agricultura nacional, porém, caracteriza-se pela existência de fatores limitantes à produtividade, como o baixo teor de fósforo (P) nos solos. As reservas mundiais de fosfato são finitas e estima-se que poderão se exaurir primeiro que o petróleo. Assim, o melhoramento genético para adaptação ao baixo teor de P seria a alternativa de menor custo repassada ao produtor. O objetivo deste estudo foi o de caracterizar geneticamente 137 famílias S_{0.2} da população-base CNA9 3 1, sintetizada visando principalmente tolerância à deficiência hídrica e de P no solo. Seis marcadores microssatélites identificaram 62 alelos. O número de alelos/marcador variou de seis (RM 38) a 16 (OG 106). com média igual a 10,3. O valor médio da diversidade genética de Nei (He) foi de 0,68 e o Ho (Heterozigosidade observada) de 0,16. Não foi identificada nenhuma evidência de estruturação populacional entre as famílias analisadas, porém uma investigação mais completa ainda será conduzida. Entre as 137 famílias analisadas, três se destacaram por sua divergência: CNA9/3/1-163-4, CNA9/3/1-50-1 e CNA9/3/1-121-5. Estas se destacaram das demais por apresentarem frequências alélicas diferenciadas, sugerindo um processo de desenvolvimento diferenciado. Este fato pode representar um processo distinto de adaptação ambiental, independente destes alelos estarem diretamente relacionados a característica fenotípica favorável para o melhoramento genético (tolerância à deficiência de P). Pois, apesar dos marcadores moleculares serem neutros, estes podem estar ligados a um gene que apresenta maior adaptabilidade. As famílias CNA9/3/1-163-4, CNA9/3/1-50-1 e CNA9/3/1-121-5 serão avaliadas quanto à presença do gene Pup1 (*Phosphorus uptake1*), o qual confere tolerância à deficiência de P. Diante da confirmação da presença do gene Pup1, estas mesmas famílias serão utilizadas em cruzamentos, pelo programa de melhoramento, para a introgressão deste em germoplasma elite.

¹ Estudante de Graduação em Agronomia, bolsista PIBIC na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, mariana machado685@hotmail.com

² Estudante secundarista, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, geovane1949@live.com

³ Engenheiro agrônomo, Ph.D. em Genética e Melhoramento de plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br

⁴ Engenheira de alimentos, Ph.D. em Genética e Melhoramento de plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. tereza.borba@embrapa.br