

VALIDAÇÃO DO QTL PUP1 E DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Tereza Cristina O. Borba¹; Miriam Suzane Vidotti²; Luma Mariano Cascão³;
José Manoel Colombari Filho⁴; Aluana Goncalves de Abreu⁴; Raquel Neves de Mello⁴

¹ Pesquisadora – Embrapa Arroz e Feijão/Santo Antônio de Goiás - GO/Brasil. email: tereza.borba@embrapa.br; ² Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas – UFG/Goiânia – GO/Brasil. ³ Estudante de Agronomia – Escola de Agronomia – UFG/Goiânia – GO/Brasil. ⁴ Pesquisadores – Embrapa Arroz e Feijão/Santo Antônio de Goiás - GO/Brasil.

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 caracterizar geneticamente as famílias S0:2 da população-base CNA9|3|1 e validar nestas a presença do QTL de maior efeito, *Phosphorus uptake 1* (Pup1), responsável pelo aumento na eficiência de absorção de P. A caracterização molecular foi conduzida a partir de um painel composto por 24 marcadores SSR fluorescentes e foram utilizados, para a validação do Pup1, seis marcadores moleculares codominantes e nove dominantes, específicos para este QTL. Em relação à caracterização molecular, verificou-se uma concentração considerável de genótipos heterozigóticos ($H_o = 0,15$). O número médio de alelos identificado foi de 7,7, variando de 4 a 15. A distância genética média de Rogers modificado por Wright (1978) foi de 0,56, indicando uma divergência mediana entre os genótipos, tendência confirmada pelo valor encontrado para a diversidade gênica de Nei (0,62). Em relação à validação dos marcadores dominantes para o Pup 1, verificou-se a presença dos fragmentos correspondentes ao tamanho esperado do controle positivo (Kasalath), assim como ausência de fragmentos no controle negativo (Nipponbare). Porém foram também identificadas amplificações inespecíficas nos marcadores K46-2 e K52. A presença desses tipos de fragmentos será avaliada com maior critério, pois afeta diretamente a viabilidade de utilização destes marcadores para a seleção assistida por marcadores moleculares (SAM). Em relação aos marcadores codominantes, estes não apresentaram amplificações inespecíficas e foram subdivididos em dois painéis contendo três marcadores cada. Todos os marcadores identificaram somente dois alelos correspondentes aos alelos presentes no controle positivo (Kasalath) e negativo (Nipponbare), com exceção de um marcador (K29-1) que identificou três alelos. Em relação à presença de genótipos com perfil heterozigoto (segregando para o marcador), todos os marcadores foram capazes de identificá-los, com exceção de um único marcador (K5). O planejamento dos cruzamentos visando a inserção de alelos favoráveis na população CNA9 será realizado após a definição dos genitores identificados como novas fontes. A identificação destes genitores será conduzido com base nas informações de distâncias genéticas, nos dados de caracterização morfo-agronômica e pela seleção assistida para o QTL Pup1, caso os marcadores moleculares específicos para este sejam validados. Assim, a partir da combinação de todas estas informações, maiores distâncias genética, presença de alelos favoráveis ao QTL Pup1 e a melhor complementariedade fenotípica, serão geradas populações com ampla variabilidade genética, com características agronômicas desejáveis e tolerância à deficiência de P no solo.

Palavras-chave: Fósforo; SSR; Seleção assistida.

Apoio Financeiro: CNPq, Embrapa