

Caracterização molecular dos acessos de arroz vermelho (*Oryza sativa* L.) do Banco de Germoplasma da Embrapa

Guilherme Aquiles de Souza¹, Edney Bezerra da Silva², Luana Alves Rodrigues³, Tereza Cristina de Oliveira Borba⁴, Aluana Gonçalves de Abreu⁵, Raquel Neves de Mello⁶, Paula Pereira Torga⁷

O arroz da espécie *Oryza sativa* L. é o mais consumido pela população mundial e, dentre os arrozes de tipo especial destaca-se o arroz vermelho, cultivado devido à coloração do pericarpo. Esta é conferida pela presença de proantocianina, um antioxidante importante na alimentação humana que auxilia na prevenção de diabetes e câncer. Além disto, por ser consumido na forma integral, este alimento é rico em nutrientes como: fibras, proteínas, ferro e zinco. O estudo foi realizado com o intuito de caracterizar molecularmente 158 acessos de arroz vermelho (*Oryza sativa* L.) do Banco Ativo de Germoplasma de Arroz da Embrapa (BAG Arroz). Grande parte destes acessos representam germoplasma nacional coletado na região Nordeste do Brasil, em que este tipo de grão é considerado uma iguaria culinária. Foram utilizados 24 marcadores SSR para caracterizar a diversidade genética e a estruturação ecogeográfica dos acessos. Foram coletadas folhas dos 158 acessos para extração de DNA por lise alcalina. O DNA genômico foi quantificado e diluído para 30 ng/ μ l. As reações de amplificação foram conduzidas em painéis multiplex, utilizando-se SSR marcados com diferentes fluoróforos. Entre os 24 marcadores SSR analisados, apenas um não apresentou resultados claros e específicos sendo eliminado das análises posteriores. Os 23 SSR analisados geraram 256 alelos e média de 11,13 alelos por loco. A Heterozigosidade média esperada foi de 0,694. A partir das informações obtidas foi possível verificar que, em relação ao número médio de alelos por loco e a heterozigosidade esperada, os acessos de arroz vermelho armazenados no BAG possuem alta diversidade. A análise de estruturação indicou a formação de dois grupos. Em uma análise posterior, foram utilizadas duas cultivares de arroz conhecidamente indica (IR36) e japônica (IREM247) para a classificação dos acessos entre as duas subespécies, confirmando-se assim a origem da estruturação. Não foram identificadas duplicatas entre os acessos avaliados, mesmo quando acessos de mesmo nome foram comparados. As informações obtidas através da análise dos acessos de arroz vermelho poderão ser utilizadas nos programas de melhoramento de arroz.

¹ Estudante de graduação em Agronomia da Faculdade UNI-Anhanguera, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gaquiles.souza@gmail.com

² Graduado em Ciências Biológicas, Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Campus de Nova Xavantina, MT, edney_bezerranx@hotmail.com

³ Bióloga, doutora em Agronomia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luana.rodrigues@embrapa.br

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

⁷ Engenheira-Agrônoma, doutora, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.torga@embrapa.br