

Ampliação da variabilidade genética da coleção nuclear de arroz da Embrapa (CNAE)

Mendonça^{1,2}, JA; Rangel¹, PHN; Melo, ATO^{1,2}; Mendes, CA; Brondani¹, RPV; Bryan¹, AH; Brondani¹, C

¹Embrapa Arroz e Feijão; ²Estudante de graduação em biologia, Universidade Federal de Goiás
jaoam@cnpaf.embrapa.br

Palavras-chave: *Oryza sativa*, recursos genéticos, diversidade genética

A CNAE representa a variabilidade genética encontrada no Banco Ativo de Germoplasma de Arroz da Embrapa, e é composta por 550 acessos (186 de arroz irrigado, 281 de sequeiro e 83 facultativos). A CNAE foi caracterizada por 86 marcadores SSR e avaliada em 11 experimentos de campo para características agrônômicas de interesse, em sete estados brasileiros. Adicionalmente, foram realizados cruzamentos em dialelo envolvendo acessos geneticamente distintos desta coleção. A caracterização molecular não identificou acessos idênticos, e a variabilidade genética encontrada na CNAE habilita a utilização de seus acessos componentes como genitores dos programas de pré-melhoramento e melhoramento genético do arroz. A segunda fase do estudo da CNAE, e que corresponde ao objetivo deste trabalho, diz respeito à introdução de acessos à CNAE que ampliem sua variabilidade genética. Para isto, atualmente estão sendo avaliados genótipos introduzidos de outros países, além de variedades tradicionais provenientes de coleta de germoplasma brasileiro. Neste trabalho foram avaliados 209 acessos de arroz irrigado e de sequeiro na safra 2006/2007, sendo 146 linhagens introduzidas da Ásia e 63 variedades tradicionais brasileiras. O ensaio, sob irrigação, foi conduzido no delineamento de Blocos Aumentados de Federer, com 15 tratamentos e quatro testemunhas por bloco (BR Irga 409, Metica 1, Caiapó e Colosso). Os dados agrônômicos coletados no ensaio foram: floração média, altura, acamamento, brusone da folha, escaldadura, mancha-parda, brusone da panícula e produtividade. Os dados foram analisados pelo programa R. Oitenta genótipos, dos quais 13 variedades tradicionais, não diferiram significativamente ($p < 0,05$) das melhores testemunhas quanto à produtividade (Metica 1 e BR Irga 409). Vinte e um acessos não foram colhidos devido ao acamamento por excesso de chuvas. Dos 80 genótipos com alta produtividade, 30 mostraram-se tolerantes à brusone da folha (nota 1), e serão novamente avaliados para determinar para quais raças do patógeno *Magnaporthe oryzae* estes genótipos são tolerantes. Todos os 209 acessos serão avaliados pelo painel de 24 marcadores SSR fluorescentes de arroz, no qual se baseia o banco de dados de frequências alélicas da coleção, para, juntamente com os dados agrônômicos, ser utilizado na escolha do grupo de acessos geneticamente distintos e com atributos agrônômicos de interesse para o melhoramento, que serão adicionados à CNAE.