

Análise comparativa para a produtividade em arroz por populações segregantes de Epagri 108 x Irat 122 avançadas por Bulk e SSD

Mariana Rodrigues Feitosa Ramos¹, João Antônio Mendonça², Francisco Pereira de Moura Neto³, Claudio Brondani⁴

O arroz possui extensa variabilidade genética armazenada em bancos de germoplasma do mundo todo. O esforço e o custo operacional em manter esse germoplasma disponível é justificado com a realização de estudos que identifiquem nesse germoplasma genes úteis aos programas de melhoramento da cultura. Uma das alternativas para analisar essa variabilidade de modo eficiente é o estabelecimento de Coleções Nucleares, que devem conter genótipos representativos da maior parte da variabilidade genética da coleção completa, com um número mínimo. A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE), composta de 550 acessos, foi concebida para conhecer a extensão da variabilidade genética e fenotípica presente no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) e para inferir o uso potencial dos acessos mais produtivos como fonte geradora de linhagens elite para o programa de melhoramento de arroz da Embrapa. Os acessos mais produtivos dentro dos estratos, divididos em variedades tradicionais, linhagens e cultivares, foram cruzados entre si, gerando mais de 190 combinações dialélicas, a fim de determinar a capacidade combinatória desses acessos. Dentre esses cruzamentos, o Epagri 108 (indica) x Irat 122 (japônica) apresentou alta capacidade específica de combinação tanto na geração F₂ quanto na geração F₇, avançado pelo método SSD (descendente de semente única), que é oneroso pela necessidade de manter isoladamente as famílias a campo e durante o processamento das sementes. O avanço de geração pelo método de Bulk é mais fácil de conduzir, pois permite colher as sementes de várias plantas de um cruzamento (Bulk), e avançar uma amostra dessas sementes. O objetivo desse trabalho, portanto, foi comparar a produtividade das linhagens avançadas por SSD (F₈) com a produtividade das linhagens avançadas por Bulk (F_{7:8}). Adicionalmente, todas as linhagens estão sendo analisadas por marcadores SNPs, obtidos pela técnica de DArTseq, o que possibilitará inferir a distância genética entre elas e comparar o percentual da variação fenotípica explicada pelos QTLs para produtividade identificados nos dois conjuntos de linhagens (derivadas dos métodos Bulk e SSD). No momento (maio de 2017) as 158 linhagens de cada cruzamento estão sendo avaliadas em experimento na Fazenda Palmital, no delineamento látice triplo 18x18, com duas repetições. Esse mesmo ensaio será repetido na safra 2017/2018, com a finalidade de se estimar os efeitos genótipo x ano e QTL x ano para a produtividade. Esperamos resultados promissores que possam contribuir com o programa de melhoramento da Embrapa.

¹ Estudante de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marianaramosagro@hotmail.com

² Técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, francisco.moura@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br