

OBTENÇÃO DE LINHAGENS *Sativa* VETORAS DE GENES DE *Oryza glumaepatula*

Paulo Hideo Nakano Rangel ⁽¹⁾, Cláudio Brondani ⁽¹⁾, Francisco José P. Zimmermann ⁽¹⁾, Antônio Carlos Centeno Cordeiro ⁽²⁾, Márcio Elias Ferreira ⁽³⁾. ⁽¹⁾ Embrapa Arroz e Feijão, Caixa Postal 179, CEP 75375-000 – Santo Antônio de Goiás, GO, E-mail: phrangel@cnpaf.embrapa.br ; ⁽²⁾ Embrapa Roraima, Caixa Postal 133, CEP 69301-970, Boa Vista, RR. ⁽³⁾ Universidade Católica de Brasília, SGAN 916 Módulo B; CEP 70790-160 Brasília, DF

As espécies silvestres de arroz vem sendo utilizadas nos programas melhoramento genético quer seja na ampliação da base genética das populações ou na transferência de características específicas para as variedades cultivadas. O uso deste germoplasma muitas vezes é dificultada devido os cruzamentos com o arroz cultivado produzirem híbridos com vários níveis de esterilidade, além de as progênies apresentarem uma série de características indesejáveis. Devido a isto os pesquisadores não priorizam e até evitam cruzamentos amplos, pois a introgressão de novos genes geralmente implica em perda de boas características já fixadas ao longo do trabalho de seleção. Programas de melhoramento genético com mandatos amplos e trabalhando com uma série de prioridades, devem apoiar-se no pré-melhoramento como alternativa para explorar essa variabilidade. O pré-melhoramento nada mais é que o desenvolvimento de populações ou linhagens, através de cruzamentos e retrocruzamentos do germoplasma exótico com linhagens melhoradas. O objetivo é transferir genes úteis para um ambiente genético onde podem ser utilizados mais facilmente pelos melhoristas. Todo este processo pode ser mais eficiente ainda se for monitorado por técnicas modernas de biotecnologia, como marcadores moleculares e mapas genéticos, que tem como principais vantagens a capacidade de gerar uma maior quantidade de dados e monitorar com grande eficiência os caracteres que estão sendo transferidos.

Das espécies silvestres de arroz que ocorrem no Brasil, a *Oryza glumaepatula* por ser autógama, diplóide e possuir genoma semelhante ao da espécie cultivada é a que possui maior potencial de uso no melhoramento genético. A Embrapa vem utilizando esta espécie no desenvolvimento de um programa de pré-melhoramento, com o objetivo de incorporar seus genes na linhagem elite BG 90-2. As linhagens *Sativa* vetoras de genes da espécie silvestre, serão usadas na ampliação da base genética das populações do melhoramento de arroz irrigado, visando a obtenção de cultivares de alta produtividade. A estratégia adotada na introgressão de genes, conhecida como Método Avançado de Retrocruzamento para QTL, envolve o uso de mapas de ligação molecular e técnicas convencionais de melhoramento e permite que um grupo de alelos de uma planta exótica ou silvestre possa ser examinada em um conjunto gênico de uma cultivar ou linhagem elite. O mapa de ligação molecular é usado para identificar, no cromossomo, a posição dos alelos silvestres que foram transferidos para a progênie, determinar quais deles estão associados à comportamento superior e selecionar as linhagens que contém QTL silvestre específico no conjunto gênico elite.

O trabalho de introgressão de genes desenvolvido por Brondani et al. (2001a e 2001b) teve início na Embrapa, em 1995, com o cruzamento da linhagem elite BG 90-2 com um acesso de *Oryza glumaepatula* (RS16). Quatro plantas híbridas F₁, confirmadas por marcadores RAPD e SSR, foram retrocruzadas com BG 90-2. Um total de 256 plantas RC1F1 com características fenotípicas favoráveis, foram retrocruzadas novamente com BG 90-2. Destas, 96 progênies RC2F1 foram selecionadas e utilizadas para a análise de QTLs e autofecundadas para produzir sementes RC2F2. As 96 famílias RC2F2, os dois parentais e a cultivar comercial BR-IRGA 409 (controle) foram avaliadas no ano agrícola 1999/00 em ensaios de campo, em Goiás e no Tocantins, no delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. Foram coletados dados de: dias até o florescimento; altura de plantas; número de perfilhos; número de panículas; comprimento de panículas; espiguetas por panícula; percentagem de grãos cheios por panículas; peso de 100 grãos; produção por

planta; número de grãos cheios por panícula e produção por panícula (GYPa). Foram construídos os mapas de ligação com 157 marcadores moleculares (150 marcadores SSR e 7 STS), usando 93 plantas RC1F1. Os marcadores mapeados foram também utilizados para genotipar as 96 plantas RC2F2, estimar o percentual de contribuição de cada parental em cada família RC2F2 e efetuar a análise de QTLs. Considerando o ensaio de Goiás, foram selecionadas 10 famílias (CNAi 9920, CNAi 9921, CNAi 9922, CNAi 9923, CNAi 9924, CNAi 9925, CNAi 9926, CNAi 9927, CNAi 9928 e CNAi 9929) que produziram maior número de panículas, que o parental BG 90-2. Estas famílias apresentaram um percentual estimado do genoma de *Oryza glumaepatula* variando de 26% a 7,6%. Destas, a CNAi 9920 mostrou um aumento de 145,8% no número de panículas por planta em relação a BG 90-2, e possui 12,6% do genoma da espécie silvestre (Tabela 1). Selecionou-se também oito famílias (CNAi 9930, CNAi 9931, CNAi 9932, CNAi 9933, CNAi 9934, CNAi 9935, CNAi 9936 e CNAi 9937), que apesar de não possuírem segmentos cromossômicos da espécie silvestre detectáveis com os marcadores utilizados, mostraram-se transgressivas para produtividade de grãos em relação a testemunha BG 90-2. A CNAi 9930, destacou-se das demais por produzir em média 10413 kg/ha de grãos (Tabela 1). As 18 famílias selecionadas foram colhidas em bulk (F_3RC_2) e avançadas para F_4RC_2 na entressafra no Tocantins.

No ano agrícola 2000/01, as 18 famílias F_4RC_2 , a BG 90-2 e a Formoso (controle), foram novamente avaliadas em ensaios nos Estados de Goiás (GO), Roraima (RR) e Tocantins (TO) com o objetivo de verificar se o aumento do número de panículas e na produtividade são devidos à heterose ou aos alelos positivos de *Oryza glumaepatula*. O delineamento experimental utilizado foi os blocos ao acaso com quatro repetições e a parcela foi formada por quatro sulcos de 5,0 m de comprimento. Analisando-se a Tabela 1, verifica-se que as oito famílias transgressivas apresentaram produtividades na geração F_4RC_2 , semelhantes à da F_2RC_2 e as famílias selecionadas pelo número de panículas tiveram o mesmo comportamento nas duas gerações. Isto evidencia que os efeitos no aumento do número de panículas e na produtividade foram devidos aos alelos positivos de *Oryza glumaepatula*. Dentre as 10 famílias com maior número de panículas, a CNAi 9924, que apresentou também alta produtividade de grãos nas duas gerações de avaliação, e a CNAi 9920, serão submetidas à seleção assistida por marcadores moleculares. Nestas duas famílias, que possuem a região do genoma mapeado para número de panículas, será possível selecionar, plantas que contenham apenas esta característica favorável da espécie silvestre e as outras de BG 90-2.

Como resultado relevante deste trabalho, a Embrapa estarão disponíveis 10 linhagens elites que poderão ser utilizadas na ampliação da base genética das populações do melhoramento através do seu uso em cruzamentos biparental e/ou na sintetização de populações e sua condução por meio da seleção recorrente.

(Pesquisa em realização com suporte financeiro do CNPq)

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Brondani, C.; Brondani, R.P.V.; Rangel, P.H.N.; Ferreira, M.E. 2001a. Development and mapping of *Oryza glumaepatula*-derived microsatellite markers in the interspecific cross *O. glumaepatula* x *O. sativa*. *Hereditas* (aceito para publicação na *Hereditas*).
- Brondani, C.; Rangel, P.H.N.; Ferreira, M.E. 2001b. QTL mapping and introgression of yield related traits from *Oryza glumaepatula* to cultivated rice (*O. sativa*) using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics* (aceito para publicação na TAG)

Tabela 1 - Percentual estimado de *Oryza glumaepatula*, número de panículas por cova (N° PAN), produtividade média por local (GO, RR, TO) e média em kg/ha das famílias F₂RC₂ e F₄RC₂ avaliadas nos anos agrícolas 1999/00 e 2000/01, respectivamente.

Famílias	% de O <i>.glumae- aptula</i>	F ₂ RC ₂		F ₄ RC ₂				
		N° PAN.	G O	N° PAN	Produtividade (kg/ha)			
					Média	GO	RR	TO
CNAi 9934		8 f-q	9757 a-d	13 ab	9464 a	9672 ab	12148 a	6573ab
CNAi 9937		7 j-q	9084 a-f	12 b	9321 a	10256 a	11175 ab	6531ab
CNAi 9936		8 f-q	9660 a-d	15 ab	9255 a	10177 a	10953 b	6635ab
BG 90-2		7 k-q	8118 a-j	13 ab	9201 a	9828 ab	10995 b	6781a
CNAi 9931		10 b-i	9967 ab	15 ab	9178 a	9531 abc	11439 ab	6563ab
CNAi 9930		9 c-m	10413 a	13 ab	9135 a	9839 ab	11161 ab	6406abc
CNAi 9935		8 e-p	9754 a-d	12 ab	9110 a	9643 ab	10894 b	6792a
CNAi 9932		9 d-o	9940 ab	16 a	8929 ab	9244 a-d	10847 b	6698ab
CNAi 9933		9 d-p	9823 abc	12 ab	8362 bc	8440 b-e	10314 b	6333abc
FORMOSO				13 ab	8324 bc	8350 b-e	10560 b	6063bcd
CNAi 9924	7,6	11 b-e	8908 a-f	12 ab	8066 c	7897 de	10466 b	5833cd
CNAi 9927	9,8	10 b-f	6067 f-p	15 ab	7399 d	8050cde	8521 c	5625de
CNAi 9925	9	11 b-e	7742 a-j	12 b	6907de	7923 de	7881cd	4917 f
CNAi 9923	9,8	11 bcd	6134 e-o	13 ab	6730 e	7370 ef	7183 d	5635 f
CNAi 9926	11,9	11 b-e	6873 c-n	12 b	6614 e	6925efg	8354 c	4563 f
CNAi 9928	11,3	10 b-g	5834 g-q	14 ab	6565 ef	6236fgh	8896 c	4563 f
CNAi 9929	12,5	10 b-g	7496 a-l	13 ab	6549 ef	7798 de	7204 d	4646 f
CNAi 9920	12,6	18 a	8288 a-i	15 ab	5986 f	5849 gh	7058 d	5052 ef
CNAi 9921	26	12 b	3167 q-t	14 ab	5944 f	6181fgh	6985 d	4667 f
CNAi 9922	15,8	11 bc	2131 st	14 ab	5256 g	5409 h	5744 e	4615 f
BR-IRGA 409		7 opq	431 i-q					
MÉDIA		8	7326	13	7814	8230	9438	5774
CV%		14	21	17	9	11	7	7

Letras separadas por hífen indica a presença das outras letras em seqüência Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente entre si pelo teste de Duncan a 5% de probabilidade