

ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) DA PRODUTIVIDADE EM ARROZ SOB DÉFICIT HÍDRICO

Gabriel Feresin Pantalhão¹; Tereza Cristina de Oliveira Borba²; Cleber Moraes Guimarães²;
Marcelo Gonçalves Narciso²; Rosana Pereira Vianello²; Claudio Brondani²

¹Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFG/Goiânia-GO/Brasil. Bolsista CAPES – e-mail: gabrielferesin@hotmail.com; ² Pesquisadores - Embrapa Arroz e Feijão – Santo Antônio de Goiás-GO/Brasil.

A seca é um fator ambiental que limita a produtividade do arroz de terras altas (*Oryza sativa* L.). O conhecimento de genes e alelos envolvidos na tolerância à deficiência hídrica e das respostas das plantas a esse estresse podem fornecer subsídios aos programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares tolerantes e, conseqüentemente, com uma maior produtividade sob essas condições. Estudos de associação genômica ampla (GWAS) analisam variações na sequência do DNA em todo o genoma, em um esforço para identificar associações a caracteres fenotípicos de interesse. Esse trabalho objetivou detectar, via genotipagem por sequenciamento (GBS), marcadores SNPs polimórficos em 175 acessos de arroz de terras altas componentes da CNAE (Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa) e associá-los à produtividade sob déficit hídrico, identificando regiões genômicas que poderiam estar relacionadas a esse caráter. A análise de GBS dos 175 acessos de arroz de terras altas forneceu um total de 150.325 SNPs polimórficos distribuídos nos 12 cromossomos de arroz. A distribuição física dos SNPs teve uma média de 402 SNPs/Mpb, variando entre 327 SNPs/Mpb no cromossomo 5 e 463 SNPs/Mpb no cromossomo 11. A partir dos dados de SNPs, foi estimada a estruturação dos indivíduos pelo modelo bayesiano do STRUCTURE e calculada a matriz de parentesco (Kinship) pelo algoritmo EMMA, como etapas preliminares da análise GWAS, para reduzir o número de falsos positivos na análise. GWAS foi realizada pelo software TASSEL 5.0 pelo Modelo Linear Misto (MLM) utilizando os dados de produtividade dos 175 acessos avaliados em experimento no delineamento de blocos ao acaso com três repetições e dois tratamentos (com e sem déficit hídrico no estágio reprodutivo), conduzido na cidade de Porangatu (GO). Foram identificados 13 SNPs significativamente associados à produtividade sob déficit hídrico e 13 SNPs em ambiente sem deficiência hídrica. Após a determinação dos SNPs significativos, estes foram posicionados no genoma do arroz (GBrowse) para identificar quais estariam em sequências transcritas. Em relação ao ambiente sem déficit hídrico, 10 genes foram identificados como tendo SNPs significativos, enquanto que no ambiente com déficit hídrico, seis genes tiveram SNPs significativos. Adicionalmente, a partir das sequências de aminoácidos, foi realizada uma análise BLAST para identificar em bancos de dados de arroz e de *Arabidopsis* informações mais detalhadas dos 16 genes. De acordo com essa análise, os genes foram relacionados à produtividade, estresses abióticos e resistência a doenças, os quais serão inicialmente validados por PCR quantitativo, e eventualmente, convertidos em marcadores para seleção assistida, a fim de aumentar a eficiência no desenvolvimento de cultivares de arroz mais tolerantes à seca.

Palavras-chave: Mapeamento associativo; *Oryza sativa* L.; genotipagem por sequenciamento; SNPs.

Apoio Financeiro: CNPq e CAPES