

## Identificação de marcadores SNPs associados à tolerância à deficiência hídrica em arroz por meio de sequenciamento de DNA por captura (CaptureSeq)

Ariadna Faria Vieira<sup>1</sup>, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser<sup>2</sup>, Tereza Cristina de Oliveira Borba<sup>3</sup>, Anna Cristina Lanna<sup>4</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>5</sup>, Leandro Gomide Neves<sup>6</sup>, Claudio Brondani<sup>7</sup>

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o segundo cereal mais consumido do mundo, sendo o Brasil o nono maior produtor mundial. A previsão é de que o crescimento da população não acompanhe o aumento da produção do arroz considerando a área atual de cultivo. A solução para isso, além do aumento gradativo em produtividade, será incorporar novas áreas no sistema de cultivo de sequeiro e, com isso, o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes à deficiência hídrica se tornará imperativo. Para alcançar esse objetivo, a identificação de genes e a sua posterior introdução no pool gênico de programas de melhoramento de arroz são etapas fundamentais. O objetivo deste trabalho foi identificar genes relacionados à tolerância à deficiência hídrica em arroz a partir de dados de sequenciamento de DNA e avaliação fenotípica em experimento de campo. Para isso, foram selecionados inicialmente 2.500 genes candidatos diferencialmente expressos na seca, obtidos em trabalho anterior por nosso grupo de pesquisa, por meio da técnica de sequenciamento de RNA (RNAseq). Por meio da técnica de sequenciamento por captura (CaptureSeq), os 2.500 genes foram utilizados para analisar 300 acessos de arroz de terras altas da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa. Para cada gene foram desenhados dois conjuntos de sonda e pares de *primers*, um para a fita sense e outro para a fita anti-sense do DNA. Esses genes, portanto, foram amplificados no genoma do arroz, capturados pela sonda respectiva, e sequenciados em equipamento Illumina Hi-Seq 2500. As sequências foram então filtradas por qualidade e, em seguida, alinhadas com o genoma de referência (Nipponbare) e, a partir desse alinhamento (programa GATK), gerados os marcadores SNPs e InDels. Foram identificados ao todo 16.055 SNPs a partir dos dados de sequenciamento dos 2.500 genes e 300 acessos. Como resultado, foram identificados SNPs oriundos de três genes capazes de discriminar os indivíduos tolerantes dos suscetíveis à seca, considerando a avaliação dos acessos em três experimentos na Estação Experimental de Fenotipagem de seca (Porangatu, GO). Esses três marcadores serão convertidos em ensaios TaqMan para uso rotineiro na seleção assistida para tolerância à deficiência hídrica na Embrapa Arroz e Feijão.

<sup>1</sup> Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aryadnafv@hotmail.com

<sup>2</sup> Analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.valdisser@embrapa.br

<sup>3</sup> Engenheira de Alimentos, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tereza.borba@embrapa.br

<sup>4</sup> Química, doutora em Ciências Agrárias, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

<sup>5</sup> Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

<sup>6</sup> Engenheiro Florestal, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da RAPiD Genomics, Gainesville, Flórida, Ineves@rapids-genomics.com

<sup>7</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br