

# Marcadores SNPs Relacionados a Tolerância à Seca em Arroz a Partir do Sequenciamento de 2500 Genes Candidatos<sup>(1)</sup>

Ariadna Faria Vieira<sup>2</sup>, Anna Cristina Lanna<sup>3</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>4</sup>, Adriano Pereira de Castro<sup>5</sup>, Leandro Gomide Neves<sup>6</sup> e Claudio Brondani<sup>7</sup>

<sup>1</sup> Pesquisa Financiada pelo SEG/Embrapa.

<sup>2</sup> Engenheira-agrônoma, doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>3</sup> Engenheira-agrônoma, doutora em Ciências Agrárias, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>4</sup> Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>5</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

<sup>6</sup> Engenheiro Florestal, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da RAPiD Genomics, Gainesville, Flórida

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

**Resumo** - O arroz de terras altas (*Oryza sativa* L.), contribui com 38% da produção total do grão no Brasil e tem grande potencial para aumentar a sua área de produção, devido à redução da disponibilidade de água, fundamental para o cultivo do arroz irrigado. Para aumentar a estabilidade da produção do arroz de terras altas é fundamental desenvolver cultivares com maior tolerância à seca, sobretudo se a mesma ocorrer no período reprodutivo. Para isto, a utilização de marcadores moleculares é importante na identificação de regiões genômicas que podem estar associadas ao controle genético da tolerância à seca, sendo os SNPs os mais utilizados nas análises genômicas. Este trabalho objetivou identificar marcadores moleculares SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) relacionados com a tolerância à seca para uso na seleção assistida de genitores e linhagens do programa de melhoramento genético do arroz. Os marcadores SNPs foram identificados a partir do sequenciamento de 300 acessos da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE) por 2.500 genes previamente identificados com a resposta do arroz ao déficit hídrico no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão. O sequenciamento desses genes pela estratégia de Capture Seq resultou em aproximadamente 40 mil SNPs. Os 300 acessos foram fenotipados quanto à tolerância à seca em experimentos conduzidos em três anos (2010 a 2012) na Estação Experimental da Emater-GO em Porangatu, GO. A fim de validar a metodologia de genética associativa, foi realizada uma primeira análise que envolveu o sequenciamento de 32 genes candidatos e 175 acessos de arroz de terras altas. Foram gerados 276 marcadores SNPs, dos quais três SNPs discriminaram 95% dos 20 acessos mais suscetíveis à seca, com base na análise conjunta dos três experimentos. Como os três SNPs tinham o mesmo poder de exclusão, apenas um foi utilizado para a etapa seguinte (SNP S2). Essa estratégia, nomeada de “Eliminação Assistida por Marcadores”, consiste na retirada dos acessos que possuem o alelo do SNP S2 relacionado à suscetibilidade à seca. Nesse trabalho, a eliminação dos acessos com o alelo SNP desfavorável reduziu o número inicial de acessos a um terço. A aplicação dessa estratégia em uma rotina do programa de melhoramento para a tolerância ao déficit hídrico permite que, a partir de uma ampla amostragem de genótipos do banco de germoplasma, sejam eliminados aqueles que possuem o alelo SNP da suscetibilidade à seca, permitindo que, em uma segunda etapa, sejam conduzidos experimentos menores, aumentando a precisão experimental e reduzindo os custos da fenotipagem. O SNP 2 foi convertido em ensaio TaqMan® e em breve estará disponível para uso rotineiro do programa de melhoramento da Embrapa.