

Mapeamento Associativo para Identificação de Marcadores SNPs Associados à Tolerância à Seca em Arroz de Terras Altas⁽¹⁾

Ariadna Faria Vieira², Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser³, Cléber Moraes Guimarães⁴, Rosana Pereira Vianello⁵, Leandro Gomide Neves⁶ e Claudio Brondani⁷

¹ Capítulo de tese de doutorado.

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

³ Farmacêutica, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Engenheiro Florestal, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da RAPiD Genomics, Gainesville, Flórida

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - O arroz é o segundo cereal mais produzido no mundo, sendo o Brasil o nono maior produtor. No país, o arroz de terras altas (*Oryza sativa* spp. *japonica*) é produzido em grande parte nas regiões Norte e Centro-Oeste, com média de produtividade de 2.318 kg ha⁻¹. A deficiência hídrica é um dos principais fatores abióticos limitantes da produtividade em arroz de terras altas. Experimentos para avaliar o potencial produtivo sob deficit hídrico são caros e difíceis de conduzir, e a seleção de materiais tolerantes à seca por marcadores moleculares seria uma importante ferramenta para ser aplicada na rotina do programa de melhoramento genético do arroz. O objetivo deste trabalho foi identificar marcadores moleculares SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) associados à tolerância à seca por meio da metodologia de mapeamento associativo. Foram avaliados quanto à tolerância à seca 252 acessos de arroz de terras altas da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa em três experimentos de campo, na Estação Experimental da Emater, localizada em Porangatu, GO. Os 252 acessos foram genotipados por duas metodologias de sequenciamento de nova geração: a) Sequenciamento de captura (Capture-Seq) de 2.500 genes candidatos previamente relacionados com a resposta ao deficit hídrico e; b) Genotipagem por Sequenciamento (GBS). Os dados de produtividade dos 252 acessos foram ajustados para cada ano (eBLUPs). Como resultados, o total de marcadores identificados foi de 41.338 SNPs e, segundo a estruturação genética populacional, os acessos foram distribuídos em dois grupos (K=2). Pela análise de mapeamento associativo, foram identificados 29 SNPs significativamente relacionados à tolerância à seca, sendo 12 SNPs obtidos por Capture-Seq e 17 SNPs por GBS. Doze desses SNPs foram localizados em QTLs previamente relacionados com a tolerância à seca (rfw1b, brt1d, rfw4a, qPN-4b, qLRC-1, qtl3.1, dth3.1, rn3, gpps4.1, rpf4.1, bmc4.1 e rdw9). A análise de regressão *stepwise* resultou em uma variância fenotípica predita no modelo completo (R^2 acumulado) de 5,34% e de 9,47% para Capture-Seq e GBS, respectivamente. Por fim, o SNP que diferenciou estatisticamente os materiais tolerantes dos sensíveis à seca foi o S5_x256xxx (A/G), onde os genótipos que apresentaram o alelo A tiveram produtividade superior àqueles que continham o alelo G. Esse SNP está localizado no segundo Exon do gene LOC_Os05gx26xx, que é traduzido em uma proteína que contém o domínio BURP, presente em *Arabidopsis* na proteína RD22, induzida por seca. Esse SNP será convertido em ensaio TaqMan, validado e posteriormente incorporado à rotina de seleção assistida para a tolerância ao deficit hídrico no dia a dia do programa de melhoramento genético do arroz.