

## Marcadores SNPs relacionados a caracteres de interesse em arroz a partir do sequenciamento de 2500 genes candidatos<sup>(1)</sup>

*Agnes Cardoso da Cruz*<sup>(2)</sup>, *Ricardo Cerri*<sup>(3)</sup>, *Marcelo Gonçalves Narciso*<sup>(4)</sup>, *Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser*<sup>(5)</sup>, *Rosana Pereira Vianello*<sup>(4)</sup> e *Claudio Brondani*<sup>(4)</sup>

<sup>(1)</sup> Pesquisa financiada pela Embrapa, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP). <sup>(2)</sup> Estagiária, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. <sup>(3)</sup> Professor, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP. <sup>(4)</sup> Pesquisadores, Embrapa Arroz Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. <sup>(5)</sup> Analista, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO.

**Resumo** - A técnica de associação genômica ampla viabiliza a identificação de regiões genômicas associadas a caracteres de interesse, por meio da associação estatística entre fenótipo e genótipo. O objetivo deste trabalho foi identificar marcadores SNPs associados a genes de interesse para uso no melhoramento de arroz utilizando mapeamento associativo. Para isso, um conjunto de 252 acessos da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa foram genotipados por 41388 SNPs derivados da tecnologia de Capture-Seq com 2500 genes candidatos. Esses mesmos acessos foram avaliados em nove experimentos de campo para produtividade no delineamento de blocos aumentados de Federer e os dados analisados pelo software R. As análises de associação foram realizadas usando o modelo linear misto implementado no software Tassel, resultando na identificação de 12 SNPs associados ao caractere avaliado. O posicionamento dos SNPs em genes permitiu identificar transcritos associados à produtividade em arroz, conforme anotação no RGAP. O SNP S6\_24557073 (C/A), está localizado no cromossomo 6, em éxon do gene LOC\_Os06g41090 (*OsFTIP1*). O genótipo A/A (11 acessos) apresentou desempenho significativamente superior para produtividade. A família FTIP é essencial em processos de desenvolvimento da planta, e especificamente o gene *OsFTIP1* interfere na capacidade transcricional de mediar a expressão de genes relacionados à seca, determinando assim a tolerância ao estresse. O conjunto de genes associados à produtividade será avaliado em detalhe, e ao serem validados, serão incorporados na rotina da seleção assistida do programa de melhoramento genético de arroz da Embrapa. Este trabalho está alinhado ao segundo Objetivo de Desenvolvimento Sustentável.