

BUSCA E SELEÇÃO DE GENES EM QTLs RELACIONADOS À TOLERÂNCIA A SECA PARA IDENTIFICAÇÃO DE SNPs EM ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Pessoa Filho, MACP^{1,2}; Ferreira, ME^{2,3}

¹Universidade de Brasília, Instituto de Biologia, Departamento de Biologia Celular, Pós-Graduação em Biologia Molecular, Brasília - DF, Brasil, ²EMBRAPA – Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética, Brasília – DF, Brasil, ³Universidade Católica de Brasília - UCB, Brasília – DF, Brasil
pessoa@cenargen.embrapa.br , ferreira@cenargen.embrapa.br

Palavras-chave: QTL, Tolerância a seca, *Oryza*

Os dados de seqüência de DNA cobrindo os aproximadamente 430 milhões de pares de base dos 12 cromossomos de arroz (*Oryza sativa* L.) representam um marco no desenvolvimento científico. Trata-se de uma espécie vegetal de grande importância econômica e social, a primeira gramínea a ter o seu genoma inteiramente seqüenciado. A informação de seqüência do genoma do arroz inicia uma nova fase no conhecimento da biologia da cultura, abrindo perspectivas para o desenvolvimento de variedades mais produtivas e qualitativamente superiores. Grande parte da informação sobre seqüências, mapas genéticos, mutantes, ou características fenotípicas de arroz pode ser acessada em bancos de dados mantidos em diferentes países. No Brasil, o plantio de gramíneas é fortemente influenciado por fatores abióticos, e a disponibilidade de água é um dos que mais se destacam. Várias regiões do genoma do arroz associadas ao controle da tolerância a seca foram identificadas. Este trabalho teve como objetivo a varredura de regiões cromossômicas associadas à tolerância a seca, visando a seleção de genes relacionados a essa característica fenotípica, baseando-se em informações de bancos de dados genômicos de arroz. Tendo como referência diferentes mapas genéticos e estudos de detecção de *QTLs*, foram selecionados ao longo do genoma locos associados ao controle de tolerância à seca. Estes dados foram corroborados por diferentes grupos de pesquisa, utilizando cruzamentos variados, condições de bioensaio variadas e análise fenotípica em regiões geográficas submetidas a fatores ambientais diversos. Regiões genômicas delimitadas pelos marcadores microssatélites RG257-BCD3086 (cromossomo 10) e RZ337-RG351 (cromossomo 7) foram analisadas visando a identificação de ORFs relacionadas a mecanismos de ajuste osmótico (proteínas de membrana, transporte celular), desenvolvimento de raiz, vias metabólicas associadas a estresse hídrico, bem como genes expressos diferencialmente em gramíneas em bioensaios de tolerância à seca. Um total de 24 genes candidatos foi identificado nas regiões mapeadas. Uma análise da estrutura primária dos produtos destes genes foi realizada a fim de detectar possíveis domínios protéicos funcionais. Oligonucleotídeos iniciadores foram desenhados para éxons nas porções 5' e 3' dos genes, assim como em éxons internos, de acordo com o tamanho e estrutura do gene. Polimorfismo de nucleotídeo (SNPs) causado por mutações ou inserções/deleções (indels) nos genes identificados vêm sendo estudados para identificar associações entre variação alélica e variação fenotípica, mensurada em ensaios de tolerância à seca em casa de vegetação. Os resultados iniciais confirmam a existência de genes potencialmente associados a mecanismos de tolerância a seca nas regiões cromossômicas previamente mapeadas. Os dados possibilitam a elaboração de rotinas para busca automatizada de genes de interesse em regiões que controlam características quantitativas. Este trabalho constitui a fase inicial de um projeto de estudo de variação alélica em genes de características quantitativas e sua relação com variação fenotípica em arroz.

Apoio financeiro: MCT/CNPq/PADCT