

Identificação de marcadores SNPs em genes relacionados à síntese de proteínas de reserva em arroz

Oliveira, ZR¹; Cruzeiro, GAV²; Borba, TCO³; Brondani, RPV³; Brondani, C³

¹ Química Agroindustrial – Instituto Federal de Goiás

² Instituto de Ciências Biológicas – Universidade Federal de Goiás

³ Laboratório de Biotecnologia – Embrapa Arroz e Feijão
zu-quimica@uol.com.br

Palavras-chave: Análise de associação, Teor protéico, marcadores SNP, *Oryza sativa*, proteínas de reserva

O arroz é considerado como alimento primordial para alimentação humana por ser fonte de carboidratos. Contudo, as proteínas de reserva de arroz possuem oito aminoácidos essenciais, com destaque para a lisina, e quando combinadas com as do feijão, resultam em uma mistura de alto valor protéico. A proteína de reserva do arroz é constituída por quatro frações: albuminas, globulinas, prolaminas e glutelinas. A busca por sequências expressas envolvidas nas rotas de síntese da proteína de reserva de arroz pode facilitar a identificação de genótipos que apresentem maior teor protéico ou valor nutricional. O objetivo deste trabalho foi o de identificar associações entre polimorfismos do tipo SNP com o teor de proteína total em acessos de arroz. Foram desenvolvidos quatro marcadores capazes de identificar SNPs (*single-nucleotide polymorphism*) nas sequências dos transcritos *Prolamin NM001064258.1*, *Globulin NP001045333.1*, *Globulin NP001045333.1B* e *Albumin A3AR560RYSJ-R*. Foram identificados SNPs nos três últimos transcritos, após o sequenciamento dos produtos de PCR dos 24 acessos mais divergentes da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa. A substituição mais frequente foi a T/G. Foram identificadas três associações significativas entre teores de proteína total e SNPs. Dois SNPs identificados no marcador *Globulin NP001045333.1*, ambos substituições T/G, explicaram 48% ($p < 0.005$) e 43% ($p < 0.02$) da variação no teor protéico. Um SNP, identificado no marcador *Albumin A3AR560RYSJ-R*, baseado na substituição A/C, apresentou associação significativa para o teor de proteína e explicou 22% ($p < 0.05$) da variação. Marcas moleculares associadas a caracteres de interesse, como o teor protéico, são ferramentas essenciais para a aplicação da seleção assistida por marcadores. Avaliações complementares para validação dos marcadores SNPs estão sendo realizadas. A partir da confirmação desta associação espera-se aplicá-la prontamente pelo programa de melhoramento genético do arroz para o desenvolvimento de cultivares com maior valor nutricional. Apoio Financeiro: MCT/Finep