

Identificação de SNPs associados à produtividade em arroz sob déficit hídrico

Gabriel Feresin Pantalão¹, Tereza Cristina de Oliveira Borba², Cleber Moraes Guimarães³, Marcelo Gonçalves Narciso⁴, Rosana Pereira Vianello⁵, Cláudio Brondani⁶

A seca é um fator ambiental que limita a produção das culturas, como a do arroz de terras altas (*Oryza sativa* L.). O conhecimento de fatores envolvidos na tolerância à deficiência hídrica e das respostas das plantas a esse estresse podem fornecer subsídios aos programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares tolerantes, e, conseqüentemente, com uma maior produtividade sob essas condições. Esse trabalho objetivou detectar, via Genotipagem por Sequenciamento (GBS), o polimorfismo de marcadores SNPs em 283 acessos de arroz de terras altas componentes da CNAE (Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa) e associá-los à produtividade sob déficit hídrico. Após a filtragem dos dados brutos, foram contabilizados 285.379 SNPs distribuídos ao longo dos 12 cromossomos do arroz. As informações moleculares foram integradas aos dados fenotípicos derivados do experimento de avaliação de produtividade e Índice de Suscetibilidade à Seca (ISS), conduzido no ano de 2010 em Porangatu (GO) em ambiente com e sem deficiência hídrica. Isso possibilitou realizar o mapeamento associativo, detectando marcadores SNPs relacionados à produtividade em arroz sob déficit hídrico. Foram detectados 48 SNPs relacionados com os caracteres avaliados, dentre os quais 13 foram relacionados ao ISS e 35 à produtividade em condição de déficit hídrico. Dentre os 48 SNPs, foram identificados 35 SNPs ancorados em 31 genes de arroz. Dentre os genes identificados, sete deles continham SNPs associados ao ISS, enquanto que os restantes 24 genes continham SNPs associados à produtividade dos acessos em ambiente com deficiência hídrica. Esses genes podem ser avaliados para serem efetivamente utilizados na seleção assistida por marcadores. Adicionalmente, esses genes podem ser superexpressos para avaliar sua capacidade de aumentar a tolerância à seca, e em caso positivo, gerar cultivares comerciais de arroz geneticamente modificadas mais tolerantes a esse estresse.

¹ Estudante de Pós - Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Goiás. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gabrielferesin@hotmail.com

² Engenheira de alimentos, Doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tereza.borba@embrapa.br

³ Engenheiro agrônomo, Doutor em Biologia Vegetal, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cleber.guimaraes@embrapa.br

⁴ Engenheiro eletrônico, Doutor em Computação Aplicada, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcelo.narciso@embrapa.br

⁵ Bióloga, Doutora em Ciências Biológicas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

⁶ Engenheiro agrônomo, Doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br