

MICTI - BOLSISTA CNPQ PIBIC/ PIBIC-EM/ PIBIC-AF - 01. CIÊNCIAS
AGRÁRIAS - AGRONOMIA

**IDENTIFICAÇÃO E PREDIÇÃO DE EFEITOS DE VARIANTES GENÔMICAS
ENTRE GENÓTIPOS DE ARROZ (ORYZA SATIVA L.)**

Gustavo Santana (gustav_santana@hotmail.com)

Daniel Da Rosa Farias (daniel.farias@ifc.edu.br)

O arroz (*Oryza sativa* L.) cultivado é consumido em todos os continentes, com grande importância socioeconômica. Dos fatores que limitam a sua produção, o arroz vermelho (*Oryza sativa* L.), está entre os mais importantes. Como o arroz vermelho possui diversas características inexistentes no arroz cultivado, estudos que identifiquem diferenças genômicas, poderão auxiliar no processo de introdução de genes e ou alelos de interesse agrônômico na cultura, ou ainda, auxiliar no controle dessa planta daninha em áreas de cultivo. O objetivo do presente trabalho foi, utilizando o software SnpEff, analisar os tipos de variações, categorizadas em: SNP (single-nucleotide polymorphism), INS (Insertion), DEL (Deletion), MNP (Multiple-nucleotide polymorphism) e MIXED (Multiple-nucleotide e InDel). Foram utilizados dois sequenciamentos de amostras de arroz vermelho, com elevado e médio nível de degrane, AV60 e AV53, respectivamente e feita a anotação e predição dos efeitos das variações nucleotídicas, em relação aos genomas de arroz cultivado (*Oryza sativa* subs. japonica - IRGSP1,0 e *Oryza sativa* subs. indica - ASM465v1). Com relação aos resultados da predição dos efeitos de variantes, a análise entre AV53 e O.

indica apontou um número de 776.244 variações processadas e 1.656.624 efeitos causados por estas variações. A taxa de variação foi de 1 a cada 482 bases. O número de variações obtidas, por tipo, foram de 679.109 SNPs, 52.709 INs e 44.426 DELs. O número de efeitos por classe funcional, foram de 24.800 para 'Perda de sentido' (56,265%), 463 para 'Sem sentido' (1,05%) e 18.814 para 'Silenciosa' (42,684%). A análise entre AV53 e *O. japonica* apontou um número de 1.585.857 variações processadas e 3.891.641 efeitos causados por estas variações. A taxa de variação foi de 1 a cada 235 bases. O número de variações obtidas, por tipo, foram de 1.421.927 SNPs, 86.243 INs e 77.687 DELs. O número de efeitos por classe funcional, foram de 40.714 para 'Perda de sentido' (52,359%), 584 para 'Sem sentido' (0,751%) e 36.461 para 'Silenciosa' (46,89%). A análise entre AV60 e *O. indica* apontou um número de 949.513 variações processadas e 2.0333.6 efeitos causados por estas variações. A taxa de variação foi de 1 a cada 394 bases. O número de variações obtidas, por tipo, foram de 839.274 SNPs, 59.212 INs e 51.027 DELs. O número de efeitos por classe funcional, foram de 28.407 para 'Perda de sentido' (55,927%), 602 para 'Sem sentido' (1,185%) e 21.784 para 'Silenciosa' (42,888%). A análise entre AV60 e *O. japonica* apontou um número de 1.419.771 variações processadas e 3.500.878 efeitos causados por estas variações. A taxa de variação foi de 1 a cada 262 bases. O número de variações obtidas, por tipo, foram de 1.275.805 SNPs, 75.477 INs e 68.489 DELs. O número de efeitos por classe funcional, foram de 35.166 para 'Perda de sentido' (52,191%), 522 para 'Sem sentido' (0,775%) e 31.692 para 'Silenciosa' (47,035%). O estudo concluiu que existem variações genômicas entre os genótipos estudados e os resultados indicam que os acessos de arroz vermelho são filogeneticamente mais relacionados a subespécie *indica*. O trabalho contou com suporte financeiro Ed. 53/2019/IFC CNPq-PIBIC.