

Polimorfismo de marcadores SNPs e SSRs em plataformas automatizadas de genotipagem para o arroz

Cristyene Gonçalves Benicio¹, Tereza Cristina de Oliveira Borba², Luíce Gomes³, Claudio Brondani⁴

A irrigação agrícola consome cerca de 70% da água potável do planeta, e a restrição dos recursos hídricos é uma realidade. Estratégias que visem o aumento da tolerância ao déficit hídrico passaram a ser priorizadas dentro de programas de melhoramento de arroz. A análise por marcadores moleculares fornecem medidas precisas da variabilidade genética existente entre genótipos de arroz e orientam a utilização destes nos programas de melhoramento. O uso das informações de marcadores ligados na busca por QTLs (Quantitative Trait Loci) em características relacionadas a caracteres de interesse é de fundamental importância para o auxílio no desenvolvimento de cultivares melhoradas. Este trabalho teve como objetivo avaliar e comparar o polimorfismo de um conjunto de marcadores microssátelites (SSRs) e SNPs desenvolvidos para o arroz visando o mapeamento de QTLs relacionados ao déficit hídrico. Os parentais Douradão (tolerante) e Primavera (cultivar suscetível) de uma população segregante composta por 224 famílias F4:7 foram avaliados por 86 SSRs fluorescentes e 1920 SNPs desenvolvidos para a plataforma BeadXpress, ambos detectados por sistemas automatizados, o que confere rapidez e precisão na genotipagem. Dentre os 86 SSRs 6 (7%) não amplificaram para ambos os parentais e 41 (51%) foram polimórficos. Dentre os 1920 SNPs, 448 (23%) não amplificaram para ambos parentais e 46 (4%) foram polimórficos. Apesar do número elevado de marcadores SNPs avaliado, o baixo polimorfismo detectado indica que devem ser desenvolvidos marcadores mais específicos através de uma análise prévia dos genitores via re-sequenciamento, como a análise de GBS (Genotyping by Sequencing). Os marcadores SSR apresentaram nível razoável de polimorfismo, e sua utilização continua sendo útil, sobretudo como locos-âncora para a co-localização de QTLs envolvendo diferentes populações de mapeamento.

¹Bióloga, estudante de mestrado, biotecnologia, cristyene@gmail.com

²Engenheira de alimentos, pesquisador, biotecnologia, tereza@cnpaf.embrapa.br

³Engenheira agrônoma, estudante de pós doutorado, biotecnologia, luice@cnpaf.embrapa.br

⁴Engenheiro agrônomo, pesquisador, biotecnologia, brondani@cnpaf.embrapa.br