

MAPEAMENTO DE QTLs EM SORGO SACARINO PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A PRODUÇÃO DE BIOENERGIA

Vander Fillipe de Souza¹; Guilherme da Silva Pereira²; Maria Marta Pastina³; Rafael Augusto da Costa Parrella³; Antonio Augusto Franco Garcia²; Jurandir Vieira de Magalhães^{1,3}; Robert Eugene Schaffert³, Cynthia Maria Borges Damasceno^{1,3}

¹UFSJ, Campus Dom Bosco, DEPEB, São João del-Rei - MG, Brasil. ²ESALQ/USP, Departamento de Genética, São Paulo - SP, Brasil. ³Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas - MG, Brasil. *cynthia.damasceno@embrapa.br

O sorgo é uma importante cultura que tem ganhado destaque como potencial matéria-prima para produção de bioenergia, em especial o sorgo sacarino que, como a cana-de-açúcar, produz caldo açucarado no colmo, e também pode ter seu bagaço utilizado na cogeração de energia em usinas sucro-alcooleiras. Além disso, o sorgo é um excelente modelo para estudos genéticos em gramíneas, por ser uma espécie diploide com genoma compacto e sequenciado. O objetivo do presente estudo foi mapear QTLs relacionadas a produção de bioenergia. Para isso, foi utilizada uma população RIL de sorgo sacarino, constituída por 223 linhagens derivadas do cruzamento entre os genitores BR501-Brandes e BR505-Wray, contrastantes para qualidade e quantidade de açúcares presentes no caldo do colmo. Os experimentos foram conduzidos em três anos, em Sete Lagoas-MG, seguindo o delineamento látice 15x15 com três repetições. Foram avaliados florescimento, altura de plantas, e produção de massa verde (PMV), além de características diretamente relacionadas à produção de etanol como sólidos solúveis totais (SST em °Brix), sacarose (Pol) e açúcares redutores (AR); e à qualidade da biomassa, como fibras e lignina. A população foi genotipada por GBS na Universidade de Cornell (IGD), e a descoberta de SNP foi realizada no software Tassel. Após a imputação dos dados perdidos, utilizando o software Npote, os marcadores SNPs foram filtrados para frequência alélica mínima esperada. Para a detecção de QTLs, foram utilizados os métodos de mapeamento por múltiplos intervalos (*Multiple Interval Mapping* – MIM), e MIM para múltiplos caracteres (*Multiple Trait Multiple Interval Mapping* – MTMIM) no pacote *OneQTL* desenvolvido para o programa R. Foram identificados ao todo 41 QTLs pela abordagem MIM univariada, com base na média predita conjunta das três safras, e 65 QTLs pela abordagem MIM multivariada, considerando as médias marginais. As análises multivariadas permitiram a identificação de um maior número de QTLs para altura de plantas, PMV, extração de caldo, SST, Pol e Fibras, enquanto que as análises univariadas detectaram mais QTLs para florescimento e AR. Para lignina foram identificados 4 QTLs. Além disso, as análises multivariadas apresentaram QTLs mais significativos, com maiores valores de LOD. Além dos efeitos principais, todas as variáveis analisadas apresentaram efeitos epistáticos significativos entre QTLs. Outros estudos já relataram QTLs nas mesmas posições dos mapeados neste trabalho para altura, florescimento e SST. Entretanto, novos QTLs, ainda não relatados, foram identificados no presente estudo, o que pode ser em consequência da alta densidade de marcadores utilizados, do método de mapeamento empregado ou devido ao fato de ambos genitores serem sacarinos. Estes resultados contribuem para o melhor entendimento da arquitetura genética de características relacionadas a produção de bioenergia, e também, para a futura aplicação da seleção assistida por marcadores moleculares no programa de melhoramento de sorgo da Embrapa Milho e Sorgo.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; linhagens endogâmicas recombinantes; bioetanol, *Genotyping-by-Sequencing*; *Quantitative Trait Loci*

Apoio Financeiro: Sweetfuel (FP7), Embrapa e Fapemig.