

Genotipagem por sequenciamento e dosagem alélica em *Panicum maximum*

Primeiro autor: Letícia Aparecida de Castro Lara
Demais autores: Lara, L. A. C.^{1}; Cavalcante, D. N. C.²; Déo, T. G.²; Santos, M. F.³; Chiari, L.³; Jank, L.³; Vilela, M. M.⁴; Zeng, Z.-B.⁵; Garcia, A. A. F.⁶*

Resumo

Diversas espécies de interesse econômico são autotetraploides, como a forrageira *Panicum maximum*, responsável por alta produtividade e excelente qualidade nutricional em pastagens tropicais. Apesar dos avanços nos programas de melhoramento e em técnicas de genotipagem, estudos genéticos têm sido limitados ao uso de marcadores sem dosagem alélica. Portanto, o principal objetivo deste trabalho foi obter e analisar marcadores via genotipagem por sequenciamento (GBS) em *P. maximum*, permitindo a estimação da dosagem alélica para futura implementação em análises de seleção genômica. A população consistiu de 530 plantas sexuais, provenientes de 19 famílias de meios-irmãos. DNA das plantas foram sequenciados utilizando *96-plex* e *PstI* como enzima de restrição. Dados brutos de GBS foram analisados no pipeline TASSEL-GBS modificado para poliploides. Os genomas de referência *P. hallii* (G1), *P. virgatum* (G2), *Setaria italica* (G3), *S. viridis* (G4), e dois transcriptomas de *P. maximum*, obtidos pela Embrapa Gado de Corte (G5) e Unicamp (G6), foram utilizados para alinhamento

(1) Doutoranda da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - Universidade de São Paulo – ESALQ/USP, lara.lac@usp.br. (2) Graduanda da Universidade Federal da Grande Dourados – UFGD. (3) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (4) Analista da Embrapa Gado de Corte. (5) Professor da North Carolina State University - NCSU, Raleigh, USA. (6) Professor da ESALQ/USP. * Autor correspondente.

das *tags* em Bowtie2. A estimação da dosagem alélica foi realizada no software SuperMASSA. Posteriormente, selecionou-se marcadores com até 5% de dados perdidos e contagem do alelo de referência superior a 5 reads. Foi realizado imputação por marcador, com amostragem aleatória e considerando proporção de doses. A taxa de alinhamento global foi de aproximadamente 21,70% para todos os genomas de referência. 476.904 marcadores foram obtidos pelo TASSEL-GBS. Os genomas G3, G4 e G5 tiveram mais de 15.000 marcadores com nenhum dado perdido. O genoma G2 resultou em um maior número de marcadores com média a alta proporção de dados perdidos. O SuperMASSA permitiu obter doses 0 (aaaa), 1 (Aaaa), 2 (AAaa), 3 (AAAa) e 4 (AAAA), para 152.619 marcadores. Após filtragem e imputação, foram selecionados 55.612 marcadores com dosagem alélica estimada. Conclui-se que GBS e dosagem alélica são estratégias promissoras para análise genômica em *P. maximum*.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fapesp e Unipasto.