

Seleção de marcadores SNP em sorgo para recuperação do genoma recorrente em RETROCRUZAMENTO ASSISTIDO

Michele Jorge da Silva^{1*}; Cynthia Maria Borges Damasceno²; Cláudia Teixeira Guimarães²; Beatriz de Almeida Barros², Marcos de Oliveira Pinto², José Eustáquio de Souza Carneiro¹ Rafael Augusto da Costa Parrella²

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Embrapa Milho e Sorgo. *michele.jorge@ufv.br

Uma das limitações do método de retrocruzamento convencional é o longo tempo necessário para se completar o processo, fazendo com que o genótipo-elite utilizado como genitor recorrente muitas vezes se torne obsoleto. Dessa forma, os marcadores moleculares apresentam-se como uma ferramenta importante para aumentar a eficiência desse processo, uma vez que possibilitam a identificação de indivíduos com maior proporção do genoma recorrente. O objetivo deste trabalho foi a seleção de marcadores SNP polimórficos entre genótipos de sorgo de interesse para posterior utilização em etapas de retrocruzamento assistido. Os 14 genótipos de sorgo utilizados, pertencentes ao banco de germoplasma da Embrapa Milho e Sorgo, foram: CMSXS652, CMSXS643, BRS506, BRS 511, CMSXS170, IS 23777, QL3-Índia, 9503062, ATF14B, QL3-Texas, SC414R, BR012R566, 9910032 e 947216. DNA genômico foi extraído para cada amostra, sendo posteriormente quantificado em espectrofotômetro (NanoDrop® ND-1000) e diluído para a concentração de 10 ng/μl. Utilizando-se o ensaio KASP (*Kompetitive Allele-Specific PCR*, LGC Genomics), foram testados um total de 99 marcadores SNP para a identificação daqueles polimórficos entre as linhagens de sorgo avaliadas. A reação de amplificação foi realizada com 5 μL de Kasp Master Mix, 5 μL de DNA genômico e 0,14 μL de Kasp Assay Mix, seguindo por diversos ciclos de amplificação recomendados pela LGC. A intensidade da fluorescência das amostras foi quantificada por meio do leitor de microplacas FLUOstar Omega Filter-based multi-mode microplate reader (BMG Labtech) e a genotipagem foi realizada utilizando-se o software KlusterCaller 1.1 (LGC Genomics). Observou-se que dentre os 99 marcadores SNP testados, 90 foram eficientes para genotipagem dos acessos avaliados. Foi possível a identificação das classes de homocigotos e heterocigotos, permitindo a seleção dos indivíduos de interesse para futuras etapas de retrocruzamento assistido. Dessa forma, esses resultados viabilizam a utilização desses marcadores nos processos de seleção assistida, auxiliando na identificação de genótipos com maior recuperação do genoma recorrente, com a intenção de acelerar as etapas de retrocruzamento, importante processo no melhoramento de plantas.

Palavras-chave: Seleção assistida; linhagens; polimorfismos

Agradecimentos: CNPq, Fapemig e Embrapa Milho e Sorgo