

Doutorado em Biotecnologia Vegetal

Desenvolvimento e validação do chip de genotipagem 26K Axiom® SNP array em *Coffea canephora*

Fernanda de Araújo Carneiro - Doutorando do curso de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal, UFLA-MG

Pierre Marraccini - Pesquisador, Cirad UMR DAP Montpellier-França

Orzenil Bonfim da Silva-Junior - Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF

Dario Grattapaglia - Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF

Alan Carvalho Andrade - Pesquisador, Embrapa Café/Inovacafé, Campus UFLA/ Lavras-MG - Orientador(a)

Resumo

A produção mundial de café é altamente afetada pelas mudanças climáticas, consequentemente, obter plantas adaptadas a este cenário de clima alterado torna-se muito importante. Com os recentes avanços na genômica do cafeeiro, como o sequenciamento do genoma de *C. canephora*, o objetivo deste trabalho foi desenvolver e validar o chip de genotipagem de DNA para *C. canephora* (26K Axiom SNP array), visando uma plataforma de genotipagem confiável e de alto rendimento, a ser utilizada nos programas de melhoramento da espécie. A construção do chip foi feita utilizando-se dados gerados a partir do resequenciamento genômico de pools formados por indivíduos dos diferentes grupos de diversidade encontrados na espécie e por indivíduos de *C. canephora* Conilon, pertencentes aos principais programas de melhoramento no Brasil. Este painel de resequenciamento foi escolhido visando cobrir a maior parte da diversidade genética presente na espécie estudada. Os reads provenientes do resequenciamento foram mapeados no genoma de referência de *C. canephora* e foram selecionados 25.456 SNPs para o desenho do chip. Para sua validação, aproximadamente 170 indivíduos de *C. canephora* foram genotipados utilizando a plataforma desenvolvida. O DNA genômico dos indivíduos foi extraído, fragmentado e hibridizado na plataforma Affymetrix GeneTitan, seguindo as instruções da Affymetrix. Para verificar a reprodutibilidade da técnica, algumas amostras foram incluídas em replicatas. O software Affymetrix® GeneChip® Command Console (AGCC) foi usado para capturar a intensidade de hibridização e identificar os genótipos. As amostras que apresentaram valor de DQC (Dish Quality Control) < 0.82 e call rate < 0.97 foram excluídas das análises posteriores. O mapeamento das sondas contemplou todo o genoma, e dos SNPs identificados, a grande maioria, 20.920 (mais de 80%), foi classificada como Poly High Resolution (PHR), ou seja, polimórficos de alta qualidade. A reprodutibilidade da técnica mostrou-se satisfatória, uma vez que as replicatas incluídas foram identificadas com 99,5 a 100% de similaridade. O desenvolvimento desta plataforma de genotipagem, o grande número de SNPs identificados e, acima de tudo, a alta qualidade destes marcadores, representam uma inovação na espécie estudada e disponibiliza uma ferramenta que servirá de base para estudo de associação genômica ampla (GWAS) e seleção genômica, que poderá reduzir significativamente o tempo nos programas de melhoramento genético do cafeeiro.

Palavras-Chave: *Coffea canephora*, SNP array, genotipagem.

Instituição de Fomento: Consórcio Pesquisa Café, INCT-Café (CNPq/Fapemig), CAPES

Sessão:

Número pôster:

Identificador deste resumo: 363-1-596

novembro de 2017