

TRANSFERABILIDADE E CONTEÚDO INFORMATIVO DE MICROSSATÉLITES PARA CONSTRUÇÃO DE MÚLTIPLOS MAPAS GENÉTICOS ENTRE CINCO ESPÉCIES DO GÊNERO *Eucalyptus*

Mamani, EM¹; Missiaggia, A¹; Grattapaglia, D^{1,2}

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília/DF ²Laboratório de Ciências Genômicas, Universidade Católica de Brasília, Brasília/DF

emamani@cena.usp.br

Palavras chave: *Eucalyptus*, mapas genéticos, microsatélites.

Em *Eucalyptus*, a estratégia de hibridação interespecífica tem resultado em um aumento do ganho de produção como consequência da exploração do vigor híbrido, resultante da combinação de *pools* gênicos diferentes. A construção de mapas de ligação a partir destes cruzamentos torna-se uma ferramenta eficiente para a localização de QTLs guiando posteriores experimentos de descobrimento de genes. No âmbito do projeto Genolyptus foram realizadas dezenas de cruzamentos interespecíficos com a finalidade de maximizar a segregação e variabilidade nas descendências e amostrar ampla variabilidade alélica a QTLs para características físico-químicas da madeira e resistência a doenças. Os 12 parentais selecionados para estes cruzamentos, realizados em um delineamento de dialelo incompleto, envolvem dois híbridos interespecíficos e indivíduos puros de diferentes procedências de cinco espécies do gênero *Eucalyptus*: *E. grandis*, *E. urophylla*, *E. globulus*, *E. calmadulensis* e *E. dunni*. Em preparação ao desenvolvimento de mapas genéticos, este trabalho tem como foco a análise de transferibilidade e conteúdo informativo de uma bateria de cerca de 400 microsatélites entre estes parentais. A triagem e análise dos 400 microsatélites estão sendo conduzidas em sistemas triplex com marcação fluorescente em plataforma ABI 3100, formato 384, o que permite a análise de dezenas de marcadores simultaneamente. Na análise detalhada dos primeiros 138 locos, apenas seis não foram transferíveis entre os 12 indivíduos das cinco espécies, indicando aproximadamente 95% de homologia para as regiões flangeadoras dos locos microsatélites. A diferença mínima de dois pares de bases no tamanho dos fragmentos amplificados está sendo o critério para a discriminação de dois alelos diferentes. A análise dos genótipos dos 12 parentais permite a inferência das razões de segregação esperadas em todos os possíveis cruzamentos. As possíveis razões de segregação incluem 1:1, 1:2:1 e marcadores totalmente informativos segregando 1:1:1:1. Os genótipos dos 12 parentais permitem inferir que 36 dos 138 locos (26%) segregarão para todos os possíveis cruzamentos e os demais em 84 a 97% de todos os possíveis cruzamentos. A distribuição das configurações não informativas para cada loco é aleatória, indicando que é inerente à constituição genética de cada parental. O número de locos informativos em cada cruzamento poderá aumentar durante a análise das descendências, pois possíveis alelos microvariantes que diferem por apenas um par de bases serão detectados. Para tornar o acesso a esta informação interativo e rápido é previsto o desenvolvimento de um *software* pela equipe de bioinformática consolidando todas as informações referentes aos locos: fluorescência utilizada, faixa de tamanho dos alelos, posição de mapa e conteúdo informativo para cada cruzamento específico. Esta informação será utilizada para maximizar a eficiência da construção das dezenas de mapas genéticos no projeto GENOLYPTUS.

Apoio financeiro: CNPq, Projeto GENOLYPTUS - FINEP.