

EXTENSÃO DO MAPA GENÉTICO REFERÊNCIA DE EUCALIPTO UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES COM DETECÇÃO FLUORESCENTE.

Missiaggia, AA¹; Bueno, NW²; Grattapaglia, D³

¹Universidade Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"-ESALQ, ²Universidade Católica de Brasília ³Cenargen-Centro Nacional de Biotecnologia.

aamissia@carpa.ciagri.usp.br

Palavras-chave: Eucalipto, microssatélite, mapa genético.

Nos últimos anos tem havido um interesse crescente por parte das empresas florestais na utilização de análise genômica para auxiliar os programas de melhoramento. A linha de construção de mapas de ligação e a localização de QTLs (Quantitative Trait Loci) economicamente relevantes tem sido uma estratégia bastante explorada por grupos de pesquisa em associação com empresas privadas. Mapas genéticos de primeira geração, baseados em marcadores dominantes RAPD e AFLP apresentam sérias limitações quanto à transferibilidade de marcas entre diferentes pedigrees e conseqüentemente não permitem estudos comparativos e validações de posicionamento de QTLs. O nosso grupo desenvolveu as primeiras versões de mapas genéticos de segunda geração baseados exclusivamente em marcadores microssatélites. Esta classe de marcador apresenta uma ampla distribuição pelo genoma e uma fidelidade na transferência de locos para outros cruzamentos permitindo assim validação e estudos detalhados de variabilidade alélica a QTLs. Este trabalho estendeu a cobertura e densidade do mapa genético referência para eucalipto, alcançando **350** marcadores microssatélites. Três classes de marcadores microssatélites foram mapeados: di e trinucleotídeos selecionados a partir de bibliotecas enriquecidas; microssatélites de distribuição aleatória gerados a partir de clones genômicos "shotgun" e microssatélites dentro de genes derivados de ESTs. Este novo mapa gerado, além de ser utilizado para validar o mapa desenvolvido anteriormente, será utilizado para detecção de QTL para densidade da madeira e teor de lignina, e servirá de mapa-referência para o projeto Genolyptus, onde um experimento de mapeamento envolvendo 22 descendências está sendo desenvolvido. A construção do mapa genético está sendo realizada a partir da genotipagem de uma progênie de 188 indivíduos de um cruzamento entre dois clones elite geneticamente contrastantes. A genotipagem desses indivíduos via detecção fluorescente em sistemas triplex está sendo realizada na plataforma ABI 3100 em formato 384. Até o momento, foram genotipados 170 microssatélites nos 11 grupos de ligação. Para a construção do mapa de ligação, foi utilizado o software Outmap especialmente desenvolvido pelo CSIRO para lidar com misturas de razões de segregação em cruzamentos entre indivíduos heterozigotos.

Apoio Financeiro: CNPq, Genolyptus