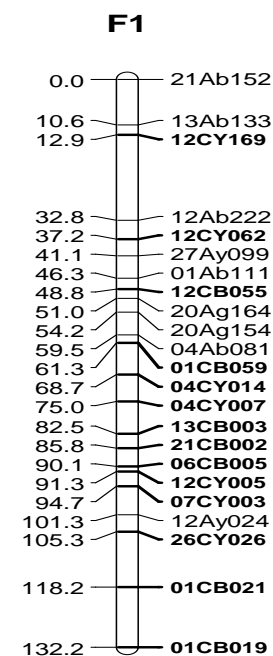


Importância da seleção assistida por marcadores

José Jaime Vasconcelos Cavalcanti, Ph.D
Pesquisador A - Embrapa Agroindústria Tropical
jaime@cnpat.embrapa.br



Introdução

Melhoramento genético convencional:

- ✓ A seleção genética é praticada com base em dados fenotípicos
- ✓ Caracteres de importância econômica são geralmente controlados por vários genes
- ✓ São altamente influenciados pelo ambiente
- ✓ Aumento da dificuldade na obtenção de ganho genético



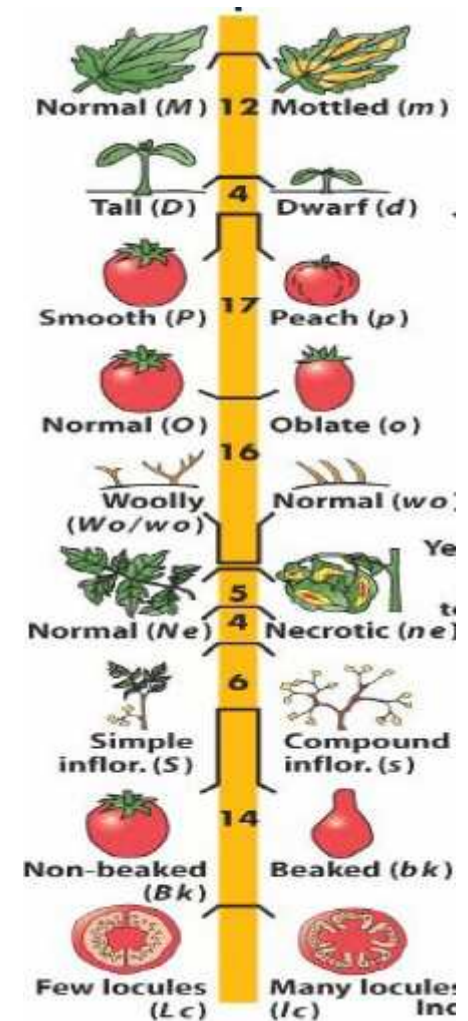
Lande & Thompson (1990)

Elaboraram a primeira proposta para aumentar a eficiência do melhoramento convencional por meio da seleção auxiliada por marcadores moleculares (SAM).



SAM:

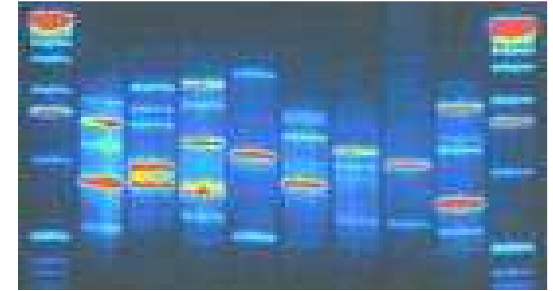
É um método que consiste na integração de informações da genética molecular com a seleção fenotípica visando aumentar a eficiência do melhoramento genético



Passos para realizar a SAM

- Obtenção de marcadores moleculares
- Associação dos marcadores com as características fenotípicas
 - a) uso direto de correlações e regressões
 - b) construção de mapas genéticos
 - c) mapeamento de QTLs
- Aplicação dessas informações na seleção





- **Marcador genético**

É uma característica que é capaz de diferenciar dois ou mais indivíduos da mesma espécie ou de espécies diferentes. Ex.: Cor de flor

- **Marcadores moleculares**

Todo e qualquer fenótipo molecular proveniente de um segmento específico de DNA, correspondendo ou não a regiões expressas do genoma.

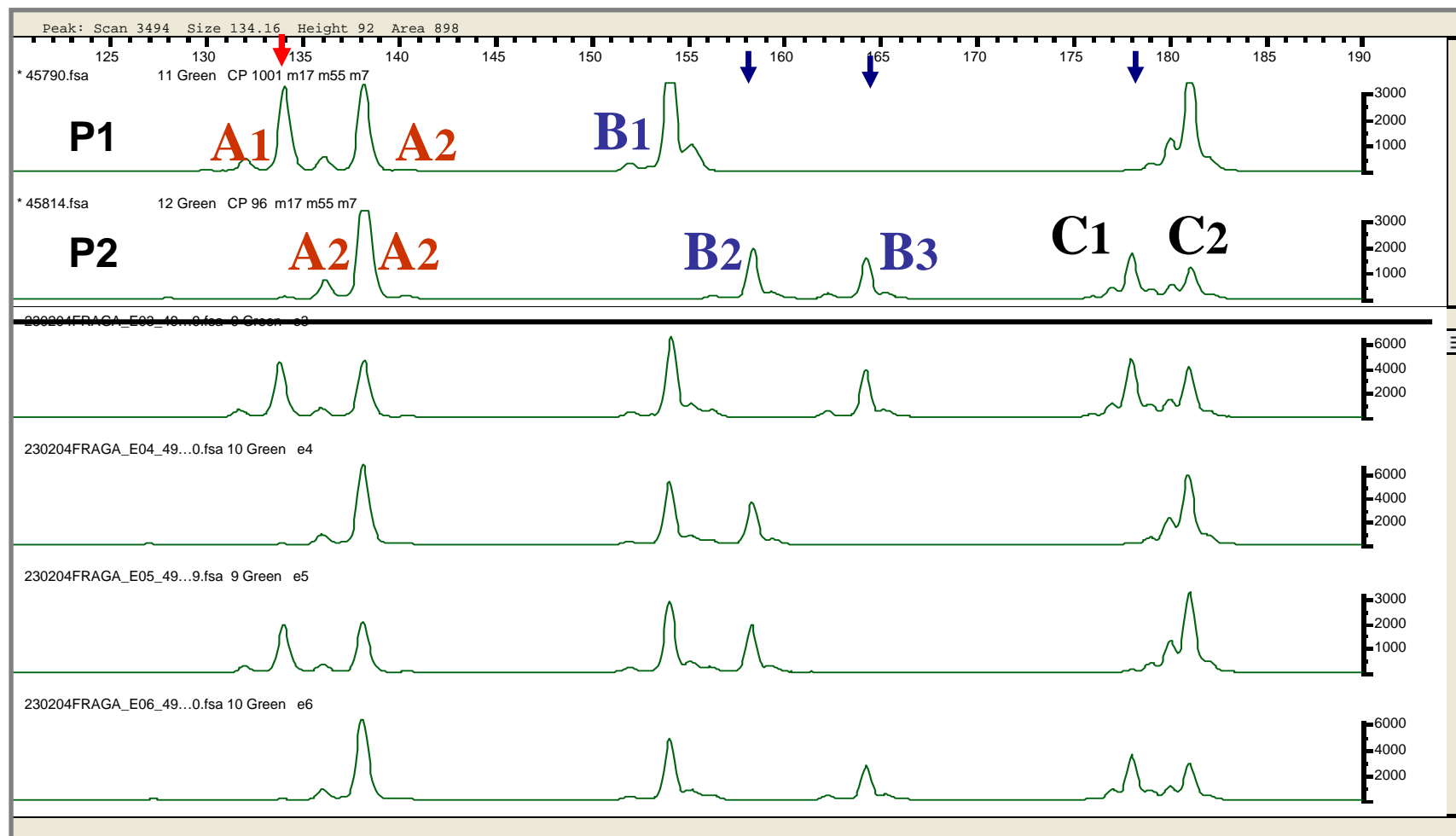


Principais técnicas de marcadores moleculares

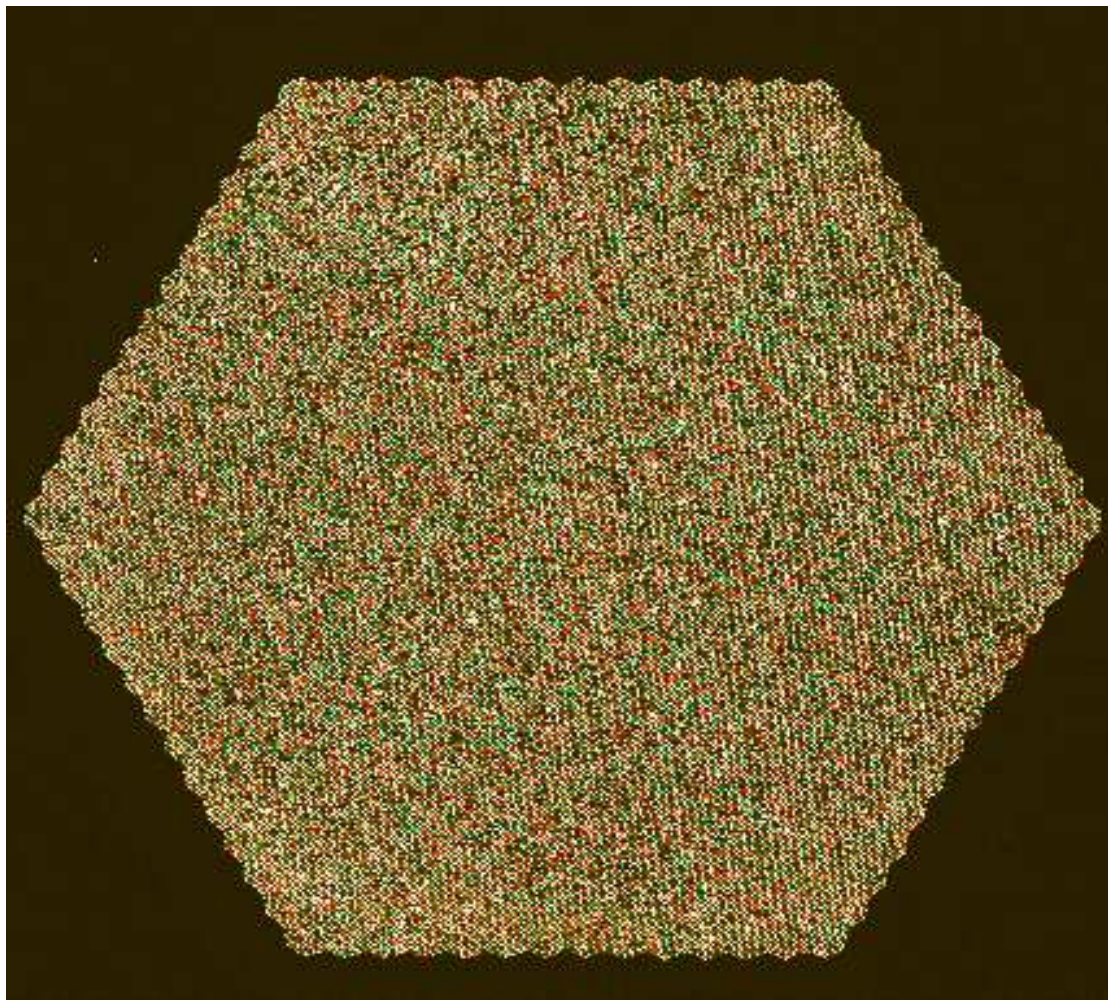
- RAPD (random amplification of polymorphic DNA)
- AFLP (amplified fragment length polymorphism)
- SSR (simple sequence repeat, microssatélites)
- ISSR (inter-simple sequence repeats)
- SNPs (single nucleotide polymorphisms)
- CAPS (cleaved amplified polymorphic sequences)
- STS (sequence tagged site)
- SCAR (sequence characterized amplified region)
- EST (expressed sequence tag)
- SSCP (single strand conformational analysis)



Análise de fragmentos com primers SSR fluorescentes de cajueiro



Análise de SNPs - miocroarranjos

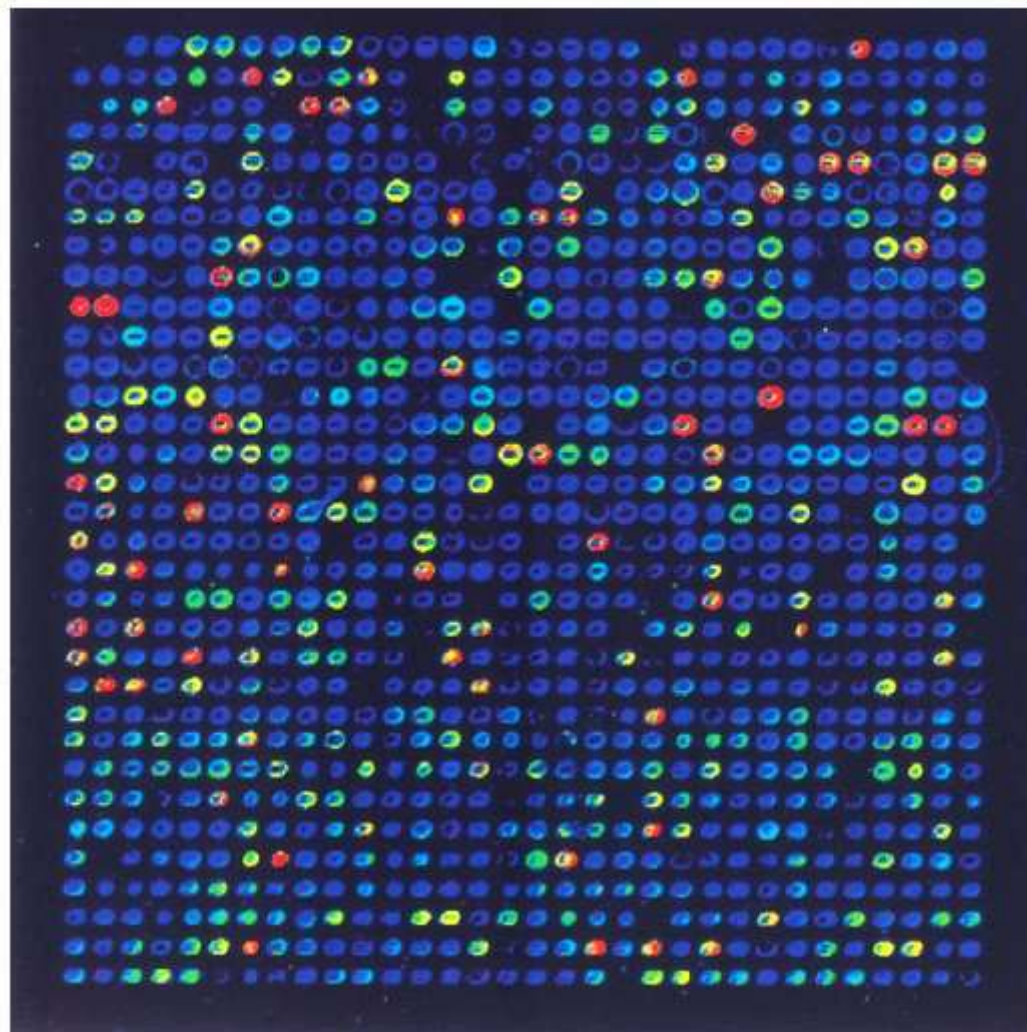


Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento

Embrapa

Agroindústria Tropical
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento





Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento



Agroindústria Tropical
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento



Exemplo de aplicação direta de marcadores na predição do sexo do mamoeiro (Oliveira et al., 2007)



$M^1 m$: masculinas

$M^2 m$: hermafroditas

$m m$: femininas

$M^2 M^1$, $M^1 M^2$, $M^2 M^2$ e $M^1 M^1$: são letais



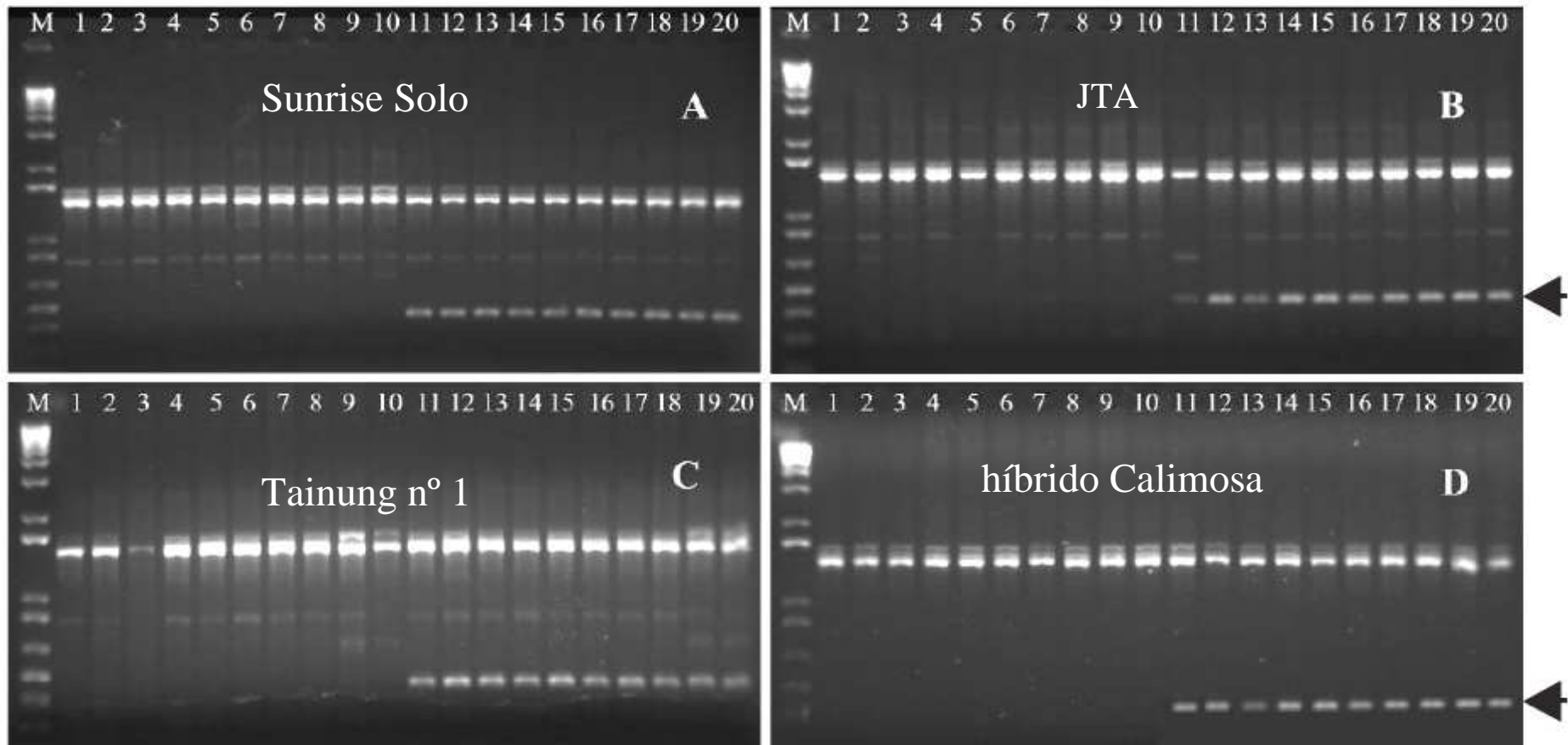


Figura 1. Amplificação do DNA de mamoeiro com o RAPD BC210. M: Ladder 1 kb plus (Invitrogen). Em todas as figuras, as amostras de 1 a 10 são plantas femininas, e de 11 a 20, hermafroditas. A) variedade Sunrise Solo; B) variedade JTA; C) híbrido Tainung nº 1; D) híbrido Calimosa. A seta indica o tamanho do alelo esperado (438 pb).



Mapas genéticos e identificação de QTLs

- ✓ **1^{os} mapas moleculares de DNA (RFLP) em milho e tomate – início das expectativas com a SAM (Helentjaris et al. 1986)**
- ✓ **Hoje há mais de 1200 mapas de QTLs nas 12 principais espécies alimentares**
- ✓ **1^{os} QTLs em tomate (Paterson et al. 1988).**
- ✓ **Estimado efeito de pelo menos 10.000 QTLs marcados (Bernardo 2008)**



Identificação de QTLs (*Quantitative trait loci* ou locos de caracteres quantitativos)

QTLs são locos ou regiões genômicas com presença de um ou mais genes que influenciam na expressão de uma determinada característica quantitativa (ex.: produção)



Princípio básico da análise de QTL

Detecta associação entre QTL e um intervalo limitado por duas marcas

Por exemplo:

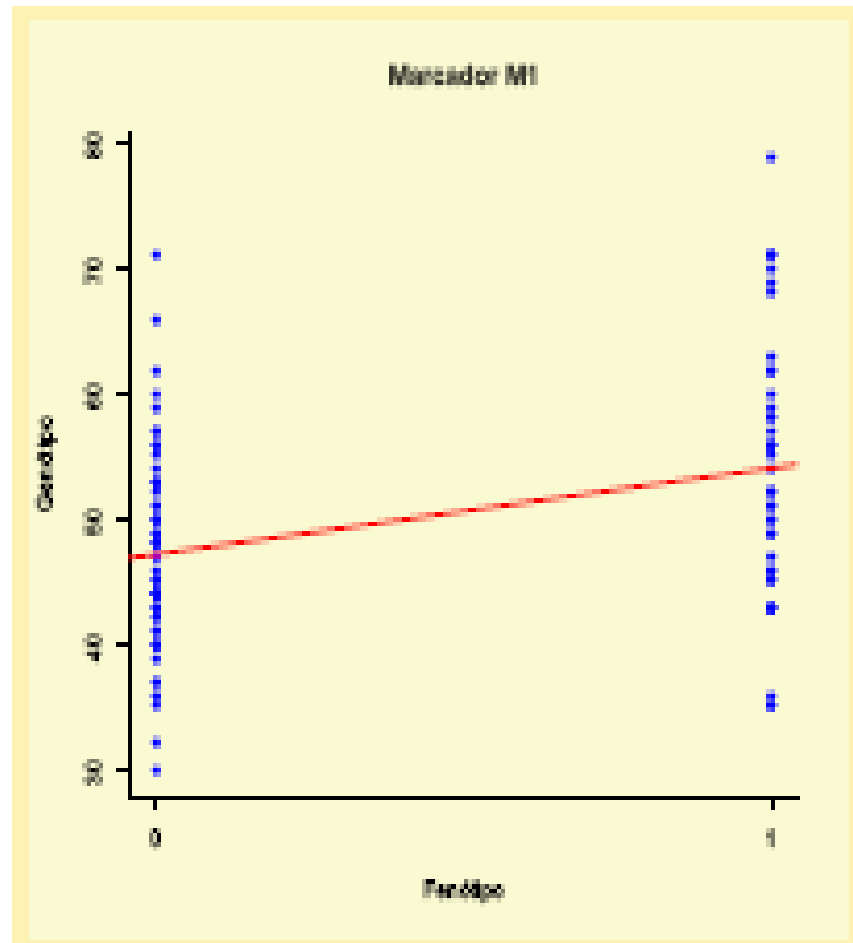
	QTL			
A	∇	B	C	
<hr/>				

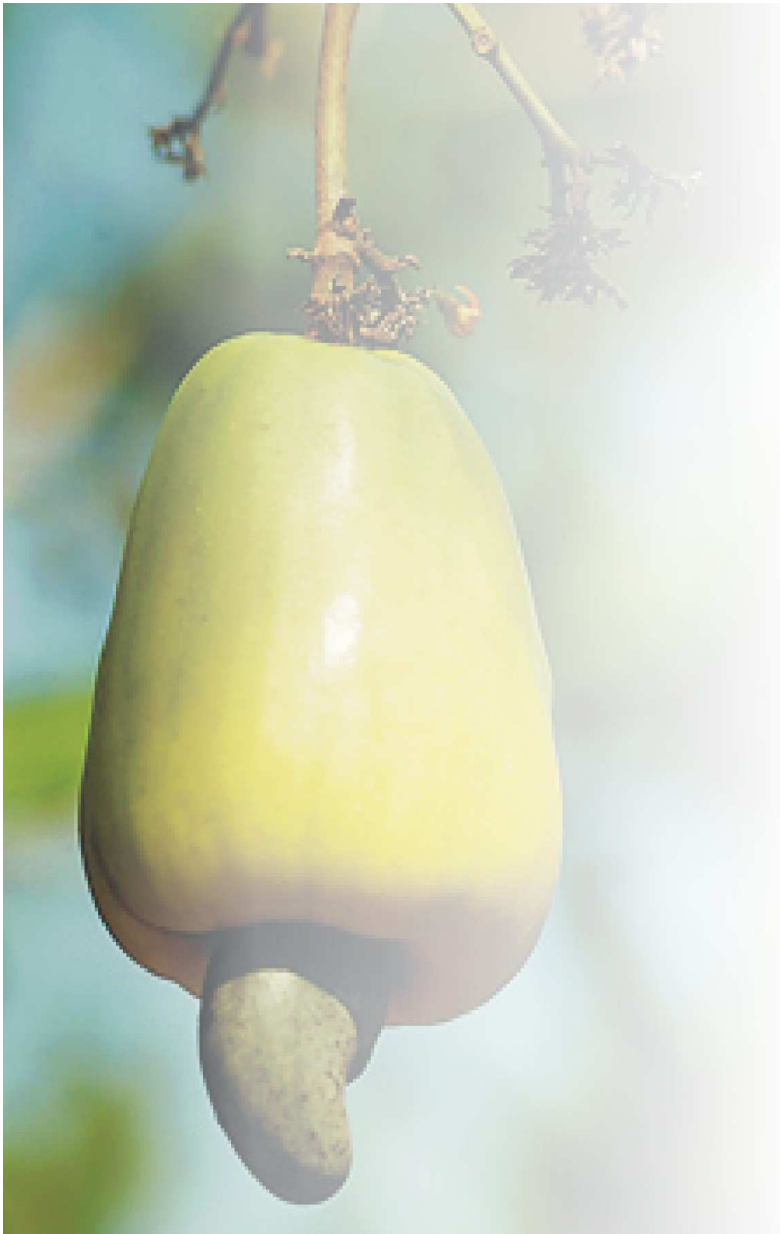
com A e B : $\mu = 4\text{Kg}$
com a e b : $\mu = 2\text{Kg}$

H_1 : hipótese de presença de QTL co-segregando

H_0 : hipótese de ausência de QTL na região







*Seleção assistida por
marcadores no
melhoramento genético
do cajueiro*



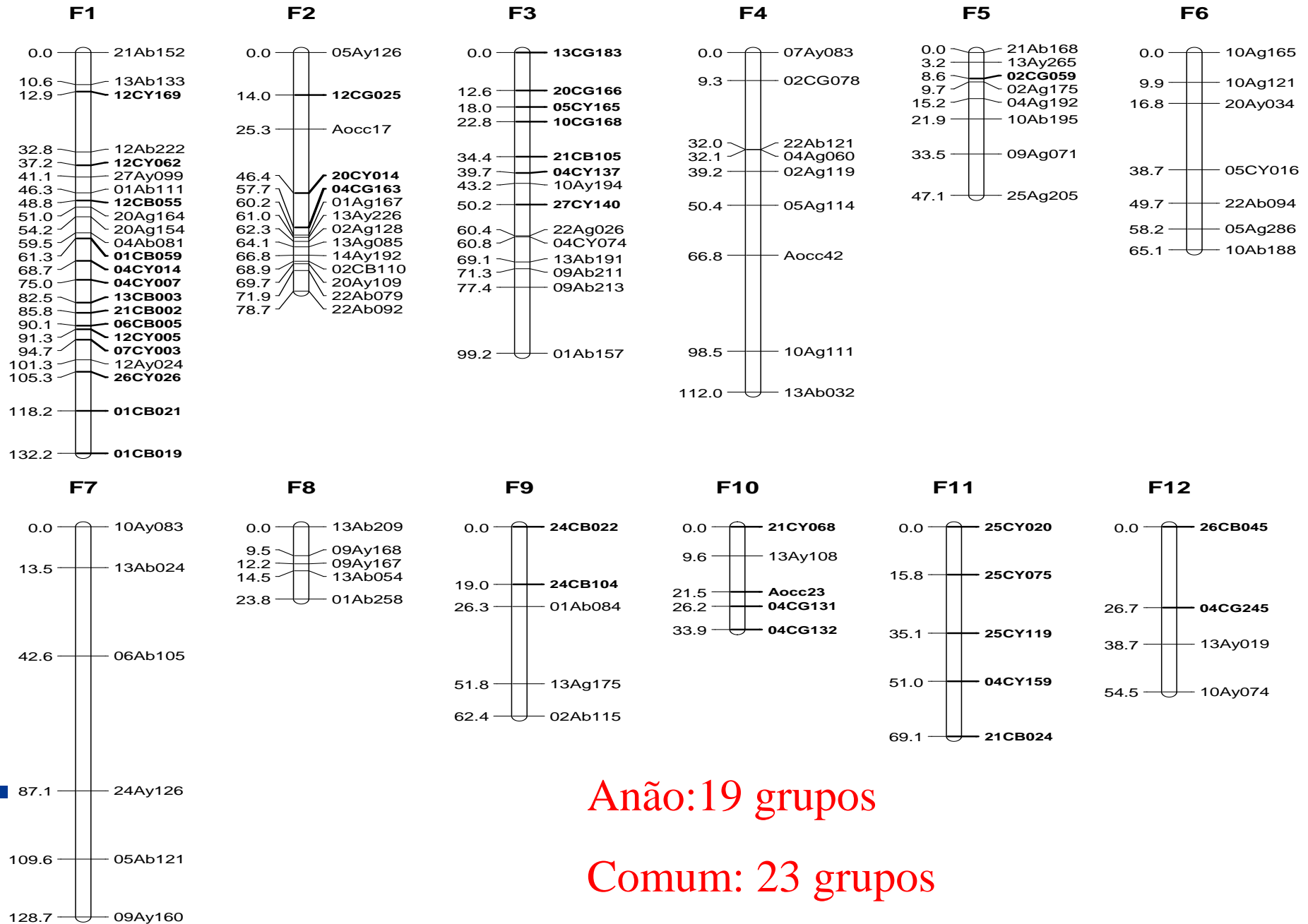
Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento



Agroindústria Tropical
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento



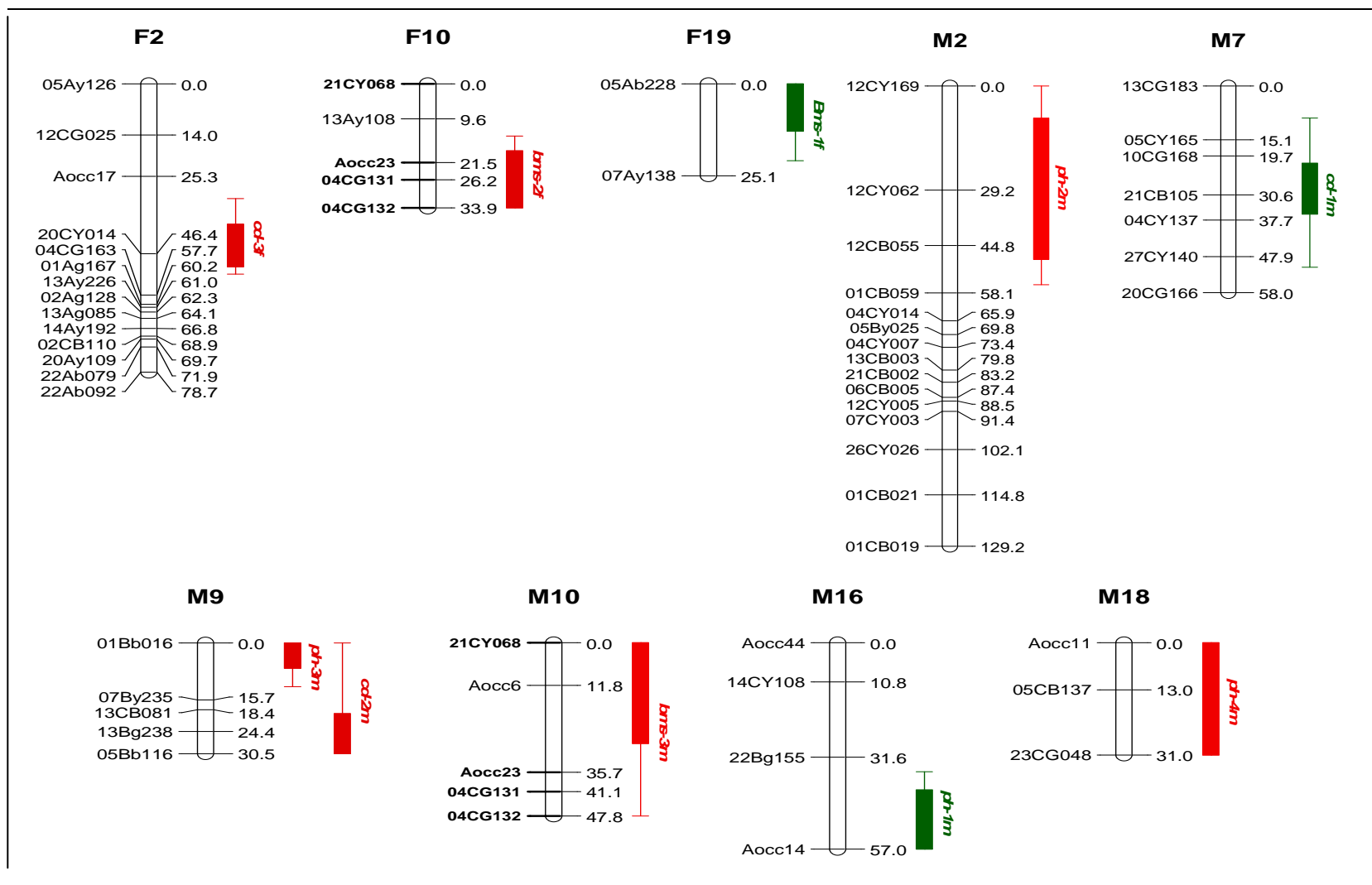
Mapa genético do cajueiro (Cavalcanti e Wilkinson, 2007)



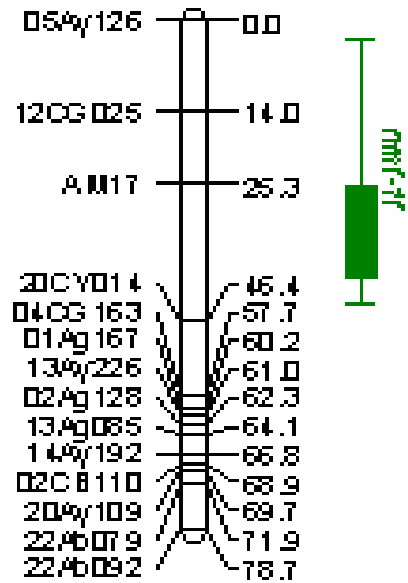
Anão: 19 grupos

Comum: 23 grupos

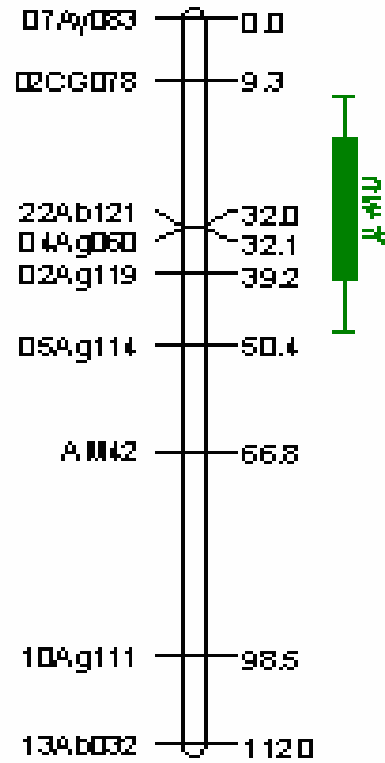
Mapeamento de QTLs



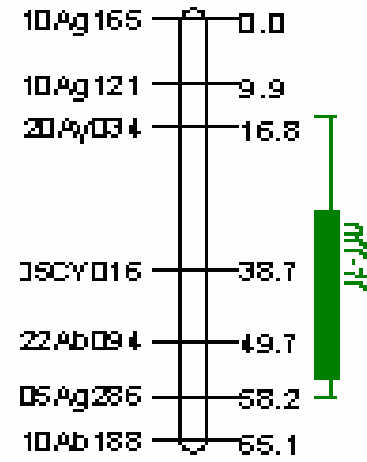
F2



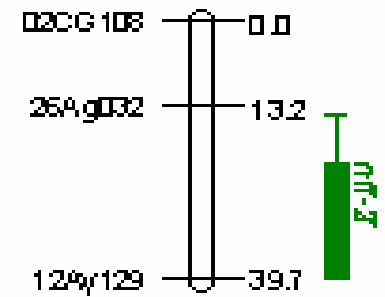
F4



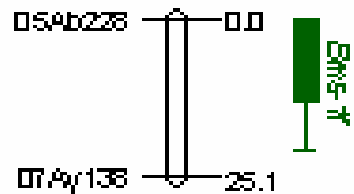
F6



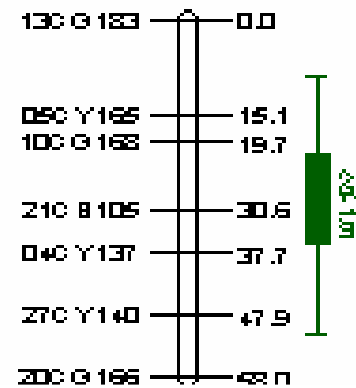
F13



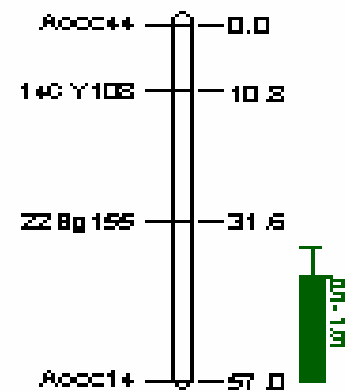
F19



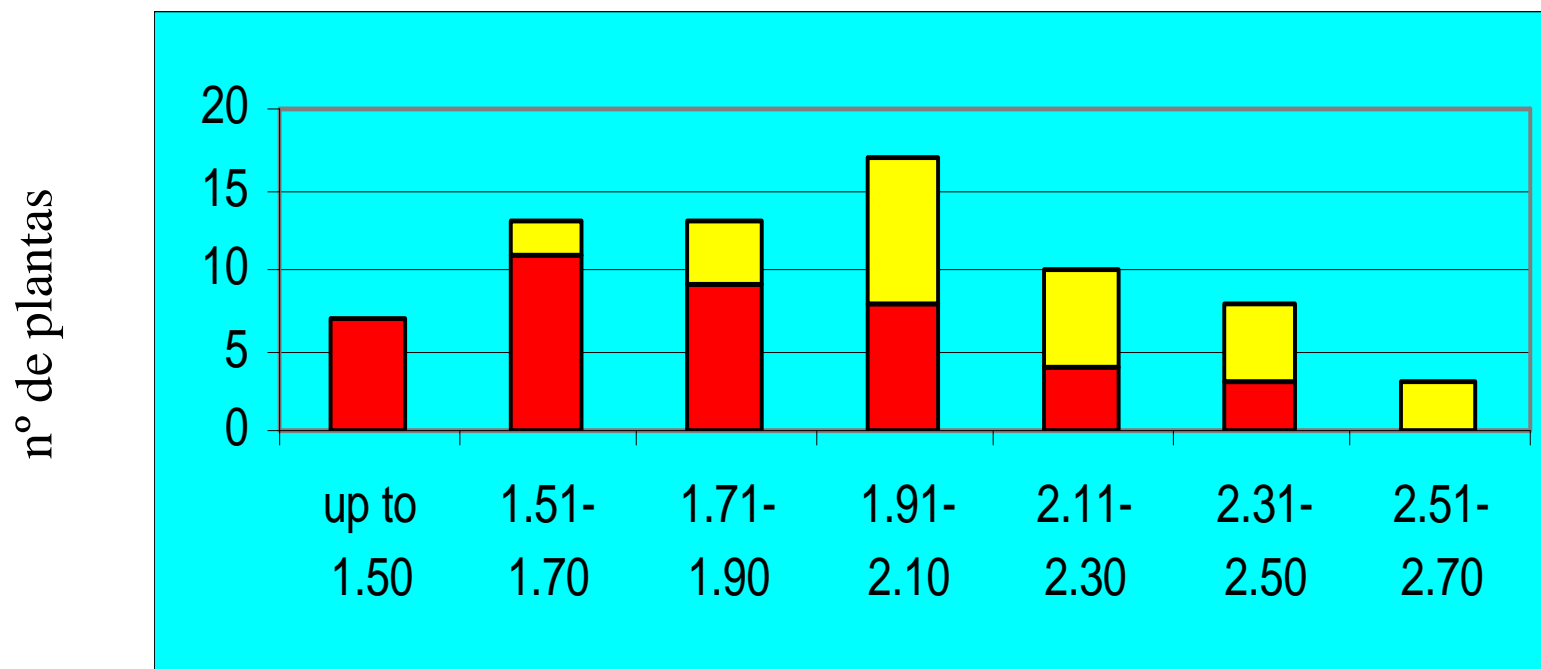
M7



M16



Segregação da população com o marcador para altura (m)



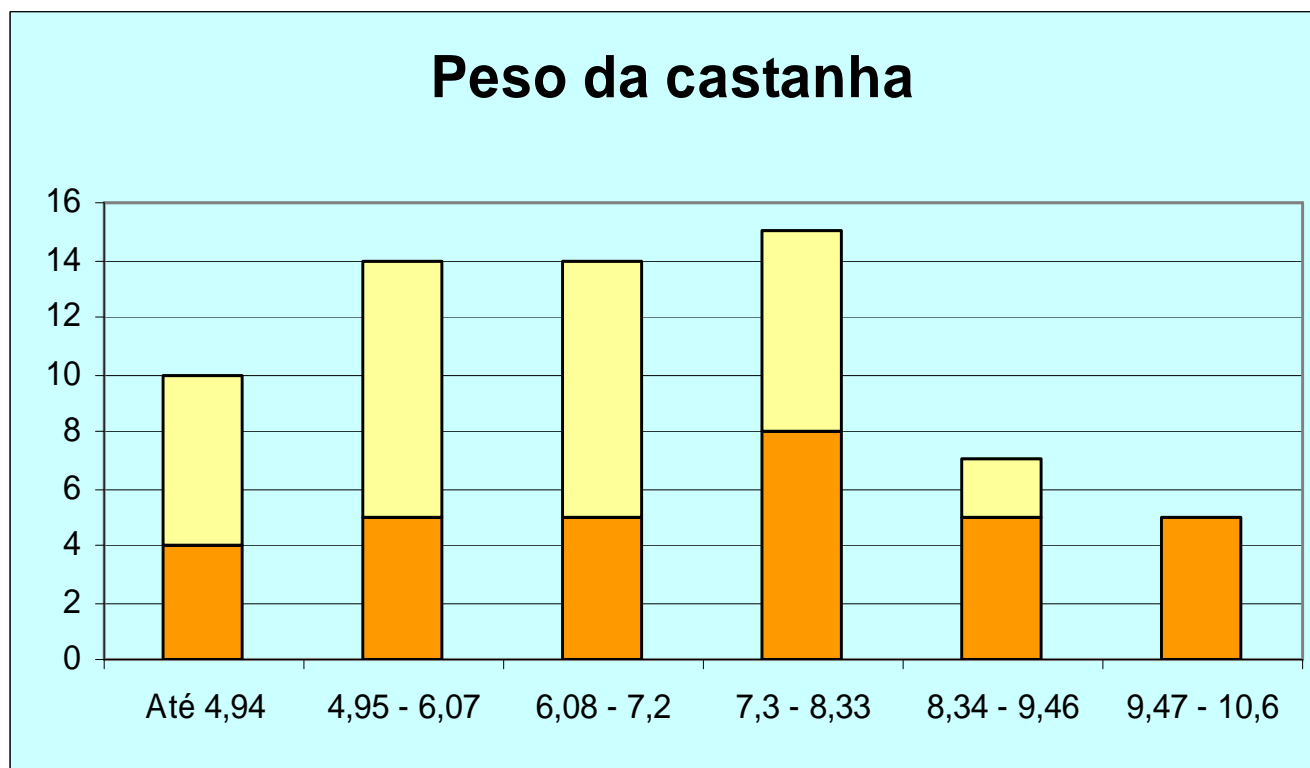
■ População com marcador
 $\mu = 1,84 \text{ m}$

■ População sem marcador
 $\mu = 2,16 \text{ m}$

Ganho = 14,6%



n° de plantas



População sem marcador $\mu = 6,26g$

População com marcador $\mu = 7,27g$

Ganho = 16,1%

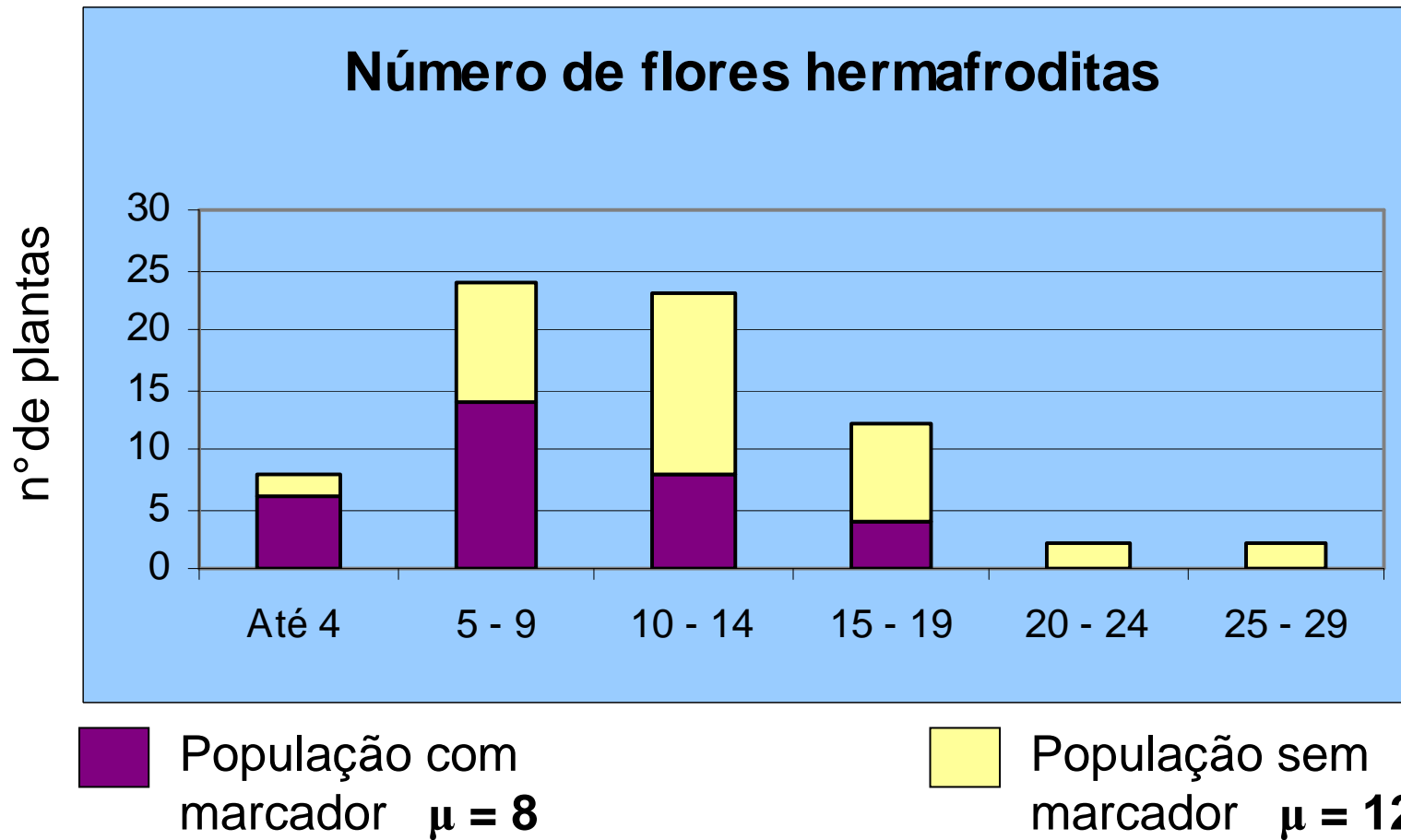


Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento



Agroindústria Tropical
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento





Ganho = 50%



Estratégia para uso de QTLs no cajueiro

- 1) Usar QTLs relacionados a caracteres de herdabilidade alta para a seleção precoce.
- 2) Para caracteres com herdabilidade baixa e alta interação genótipo x ambiente:
 - a) usar QTLs que demonstram efeitos genéticos principais comuns a diferentes ambientes
 - b) Para QTLs não comuns, usar os de grande efeito, para piramidização e desenvolvimento de genótipos com maior adaptabilidade e estabilidade.



Desafios para o molecular breeding (Niebur et al. 2004, Eathington et al. 2007)

1. Precisão e nível de resolução do mapeamento dos caracteres de interesse
2. Geração de marcadores e avaliação fenotípica em alta escala
3. Procedimentos e software para análise de muitos dados
4. Treinamento de melhoristas para uso crítico das informações moleculares visando o melhoramento mais eficiente
5. Custo benefício do emprego das informações moleculares
6. Infraestrutura para geração das informações



Considerações finais

- Auxiliar o melhoramento genético clássico
- Possibilidade de praticar a seleção precoce (seleção de plantas na fase juvenil ou de viveiro)
- Redução de área experimental, tempo e custo
- Acelerar a obtenção de novos cultivares





*Obrigado pela
atenção!!!*