

# GENOTIPAGEM DE UMA POPULAÇÃO DE LINHAGENS RECOMBINANTES DE SORGO (*Sorghum bicolor*) VISANDO À IDENTIFICAÇÃO DE REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS À TOLERÂNCIA À SECA

Belkiss C F Silva<sup>1</sup>, Luisa S Araujo<sup>2</sup>, Fernanda F Caniato<sup>3</sup>, André M Silva<sup>3</sup>, Cláudia T Guimarães<sup>4</sup>, Robert E Schaffert<sup>4</sup>, Flávio Tardin<sup>4</sup>, Jurandir V Magalhães<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Estudante da UNIFEMM, Ciências Biológicas, bolsista Embrapa Milho e Sorgo; <sup>2</sup>Estudante da UNIFEMM, Engenharia Ambiental, bolsista CNPq/PIBIQ; <sup>3</sup>bolsistas Embrapa Milho e Sorgo; <sup>4</sup>Pesquisadores da Embrapa Milho e Sorgo.

**Resumo:** Grande parte das terras produtivas no Brasil encontra-se na região do Cerrado. A maioria dos solos de Cerrado são os latossolos, que perfazem 46% da área. Esses tipos de solos apresentam uma coloração variando do vermelho para o amarelo, são profundos, bem drenados na maior parte do ano, apresentando alto índice de acidez e toxidez de alumínio. Esses solos são ainda pobres em nutrientes como o cálcio, o magnésio, o potássio e alguns micronutrientes, que são essenciais às plantas. Períodos de seca podem ocorrer em meio a estação chuvosa (i.e. veranicos), causando dramáticas reduções de produtividade devido ao estresse hídrico. O sorgo situa-se no quinto lugar entre os cereais mais plantados do mundo, sendo superado apenas pelas produções de trigo, arroz, milho e cevada. *Sorghum bicolor* é uma espécie de origem africana pertencente à família *Poaceae*. Em termos comparativos, o sorgo é uma espécie que apresenta maior tolerância à seca, o que viabiliza a sua produção em ambientes problemáticos para outras culturas. O objetivo desse trabalho é o de construir um mapa genético em uma população de linhagens recombinantes de sorgo (*recombinant inbred lines* ou RILs), que será utilizado para detectar regiões no genoma responsáveis pela tolerância à seca, dessa forma contribuindo de forma significativa para o Programa de Melhoramento Genético da Embrapa Milho e Sorgo. Para isso, o DNA de 100 RILs derivadas do cruzamento entre as linhagens BR007 e SC283 foi isolado por meio do método de Saghai - Maroof. Em seguida, foram feitas Reações de Polimerase em Cadeia (*Polymerase Chain Reaction* ou PCR) utilizando-se iniciadores microsatélites marcados com fluorocromos ou sem marcação. A genotipagem para os marcadores fluorescentes foi realizada no Sequenciador Automático ABI377 enquanto que os marcadores não-fluorescentes foram resolvidos em gel de poliacrilamida a 10%. Até o momento foram genotipados 61 marcadores fluorescentes e 03 marcadores não fluorescentes na população de RILs, sendo que o mapa genético encontra-se em construção.

**Palavras-Chave:** tolerância à seca, melhoramento genético, linhagens recombinantes.