# Seleção genômica como estratégia do melhoramento de sorgo sacarino para altas performances

**Por:** *Cynthia Maria Borges Damasceno e Rafael Augusto da Costa Parrella, pesquisadores da Embrapa Milho e Sorgo*

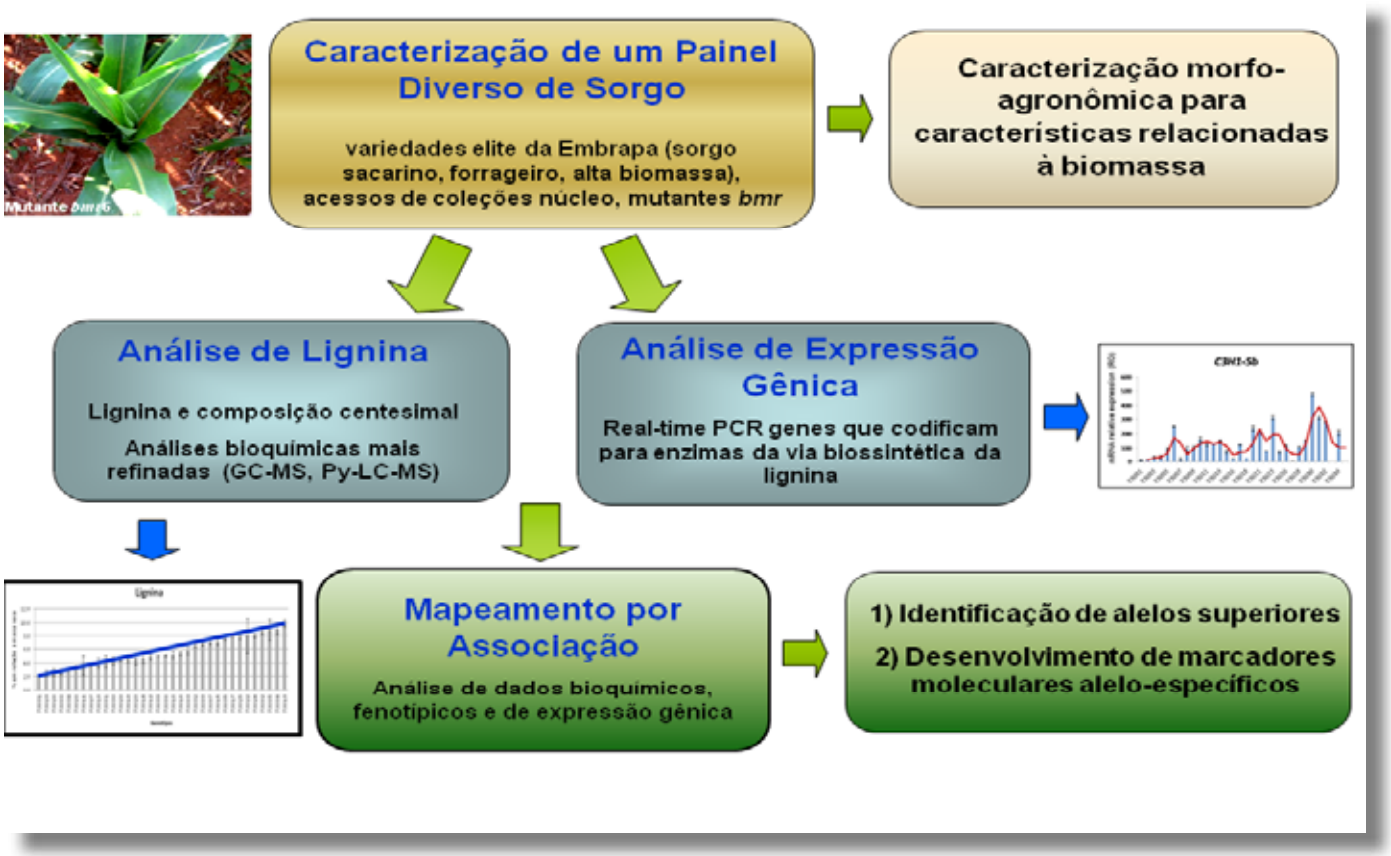
A seleção de culturas dedicadas à bioenergia contendo características composicionais de parede celular que sejam favoráveis ao processo de conversão de biomassa é importante para tornar a produção de biocombustíveis de segunda geração economicamente viável. A implementação de seleção assistida por marcadores nos programas de melhoramento em culturas dedicadas à bioenergia deverá acelerar o desenvolvimento de novas cultivares com alta biomassa e composição adequada aos processos de produção de biocombustíveis.

Na área de genômica se encontra o maior potencial de descoberta de marcadores moleculares para características relacionadas ao uso do sorgo para produção de bioenergia, alimentação animal de melhor qualidade e na indústria química. Novos métodos de sequenciamento em larga escala, mais econômicos e rápidos, poderão identificar marcadores mais próximos aos genes de interesse sem que haja necessidade de utilização de técnicas de mapeamento laboriosas. Como exemplo, o re-sequenciamento dos genomas de todos os indivíduos de duas populações de linhagens recombinante de sorgo (RILs, $F_{10}$) e de um painel diverso, está em andamento, por meio de uma colaboração da Embrapa Milho e Sorgo com o Instituto de Diversidade Gênomica (IGD), pertencente à Cornell University, EUA.

Uma das populações segrega para colmo seco ou com caldo e teor de açúcares no caldo, enquanto que a segunda população segrega para tolerância à toxicidade por alumínio, além de características relacionadas à biomassa, tais como presença de caldo, altura e composição de parede celular.

O ressequenciamento do painel diverso, cujos materiais originam-se de coleções núcleo de vários países, permitirá o uso de técnicas de mapeamento por associação, que apresentam resolução superior a outros métodos de mapeamento. O ressequenciamento genômico dessas populações e painel constituirá um grupo de dados de grande aplicabilidade para o descobrimento de alelos superiores e desenvolvimento de marcadores moleculares relacionados a um sorgo de melhor qualidade para produção e conversão em etanol. Entretanto, para o aproveitamento dos dados de variabilidade genética oriundos do ressequenciamento genômico, o desenvolvimento e aplicação de técnicas que permitam a fenotipagem em larga escala, como análise de composição de parede celular e teor de açúcares no caldo, se faz necessária. Colaborações em andamento com universidades brasileiras e americanas permitirão a caracterização da parede celular de sorgo nos mesmos painéis a serem ressequenciados, abrindo novas perspectivas para o melhoramento genético de sorgo.

O objetivo do programa de melhoramento de sorgo da Embrapa é usar estratégias para selecionar e produzir genótipos de sorgo que demonstrem características favoráveis para a produção de biocombustíveis. Na Embrapa, abordagens clássica e molecular estão sendo utilizadas no programa de melhoramento de sorgo para bioenergia, incluindo menor e maior teor de lignina (**Figura**). Uso de técnicas genômicas, como as desenvolvidas em parceria com a Cornell University para re-sequenciamento de populações de mapeamento, e análise de expressão gênica para características envolvidas com a qualidade da biomassa ou concentração de açúcares tem o potencial de orientar em qual direção o programa de melhoramento deve focar para obter predição de ganhos de seleção dessa característica.

Estudos em andamento estão caracterizando um painel geneticamente diverso de sorgo com mais de 100 acessos quanto aos níveis de lignina no colmo e de expressão dos genes envolvido na síntese desse composto. Análises do conteúdo de lignina e outros componentes da parede celular, bem como características morfoagronômicas relacionadas à biomassa, mostraram que o painel é bastante diverso fenotipicamente e o conteúdo de lignina variou entre 2 e 12% da matéria seca total, sendo a média 5,8%. A fim de melhor entender a síntese de lignina em sorgo, nós identificamos homólogos de genes-chave da via de biossintética da lignina, e usamos PCR em tempo real para estudar seus níveis de expressão. Dois destes genes, C3H e HCT, parecem estar corregulados, uma vez que apresentaram expressão altamente correlacionada entre genótipos. Futuramente, genes envolvidos na síntese de lignina que demonstrarem expressão diferencial entre acessos contrastantes para o conteúdo de lignina, serão validados por análise de associação e selecionados para uso do programa de melhoramento de sorgo para bioenergia, coordenado pela Embrapa. Abordagem semelhante será utilizada para o estudo da concentração de açúcares no caldo. ●

**Workflow das estratégias moleculares utilizadas no programa de melhoramento de sorgo para bioenergia da Embrapa para identificação de alelos superiores relacionados a uma biomassa de melhor qualidade**