



DESCOBERTA E GENOTIPAGEM DE SNPs EM CAJUEIRO VIA SEQUENCIAMENTO DE REPRESENTAÇÕES GENÔMICAS REDUZIDAS

ORZENIL B. SILVA-JUNIOR<sup>1</sup>; MARIANA LIRA<sup>2</sup>; GLAUCIA S. CORTOPASSI BUSO<sup>3</sup>; ZILNEIDE P. SOUZA AMARAL<sup>4</sup>; DÁRIO GRATTAPAGLIA<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Pesquisador- Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: orzenil.silva@embrapa.br

<sup>2</sup> Bióloga, estudante de pós-graduação, Universidade de Brasília, Brasília - DF, e-mail: [lirinha.mariana@gmail.com](mailto:lirinha.mariana@gmail.com)

<sup>3</sup>Pesquisadora- Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: glaucia.buso@embrapa.br

<sup>4</sup>Assistente de pesquisa- Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: zilneide.amaral@embrapa.br

<sup>5</sup>Pesquisador- Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: dario.grattapaglia@embrapa.br

**Resumo:** Dois experimentos de sequenciamento de representações genômicas de complexidade reduzida do genoma do cajueiro foram realizados, com o objetivo de identificar e genotipar marcadores SNPs e descobrir microssatélites para *Anacardium occidentale*. Duas amostras de DNA sendo uma de um único indivíduo para gerar uma pseudo-referência para alinhamento e outra constituída por um pool de 12 indivíduos selecionados para maximização de diversidade foram sequenciados via RAD sequencing. Foram obtidos 5.102 contigs de tamanho médio de 484 bases totalizando 2.46 Mb para alinhamento, descobertos 147 microssatélites e identificados 4748 SNPs de alta qualidade para construção de um chip de genotipagem Infinium. Utilizando genotipagem por sequenciamento (GbS) via corte com PstI foram genotipados 95 indivíduos, sendo seis replicados para controle de qualidade utilizando o serviço do IGD de Cornell. De um total de 11.290 SNPs com call rate liberal de >60% (média de 40% de dados faltantes), somente 56.9% em média foram efetivamente genotipados nas 6 amostras replicadas e a reprodutibilidade em termos de genótipo foi de 89.9%. Estes dados comprovam a elevada proporção de dados faltantes resultante da técnica de GbS e indicam que para espécies de genoma altamente heterozigoto onde imputação de genótipos não é uma opção, a técnica de GbS tem sérias limitações.

**Palavras-chave:** Análise molecular; SNPs; SSR