

CBFV 2009

XII Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal
"Desafios para produção de alimentos e bioenergia"
7 a 12 de setembro de 2009 - Fortaleza - CE



PROMOÇÃO:



Polimorfismos revelados por marcadores CAPS (*Cleaved Amplified Polymorphic Sequence*) em feijão-caupi visando o mapeamento genético

Reginaldo de Carvalho¹, **Lidiane L. B. Amorim**², Ralf Horres³, Alberto V. C. Onofre², Ederson A. Kido², Ilza M. Sittolin³, Maurisrael M. Rocha³, Francisco R. Freire Filho³, Genira P. Andrade⁴, Gilvan Pio-Ribeiro⁴, Ana M. Benko-Iseppon²

¹Departamento de Biologia-Genética/UFRPE, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, CEP:52171-900, Recife, PE, Brasil, fone (81) 33206314, email: reginado.ufrpe@gmail.com; ²Departamento de Genética/UFPE; ³GenXpro, Frankfurt Main, Alemanha; ³Embrapa Meio-Norte/CPAMN, Teresina, PI, Brasil; ⁴Depto. de Fitopatologia/UFRPE, Recife, PE, Brasil

Polimorfismos de DNA são diferenças na seqüência ou disposição dos nucleotídeos entre células, tecidos, indivíduos ou populações. Os marcadores CAPS são baseados na digestão de fragmentos amplificados via polimorfismos de base única ou SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*). Como as enzimas de restrição reconhecem seqüências de bases específicas no DNA, a alteração em um único par de bases pode alterar um sítio de restrição em determinado loco do genoma, gerando o polimorfismo nos tamanhos dos fragmentos de DNA. Genes candidatos relacionados à resposta da planta a estresses bióticos e abióticos estão sendo usados como marcadores moleculares para associar fenótipos expressos em populações segregantes ou banco de germoplasma. O objetivo deste estudo foi identificar polimorfismos entre parentais contrastantes de feijão-caupi para resistência a viroses, a fim de desenvolver marcadores CAPS para aplicação na população segregante de mapeamento, a partir de primers ESTs desenhados para leguminosas modelos. Foram avaliados 21 marcadores desenvolvidos na Universidade de Aarhus, Dinamarca. Cinco foram polimórficos (Leg 713, Leg 929, Leg 791, Leg 843, Leg 763). Os marcadores que amplificaram fragmentos monomórficos foram digeridos com várias endonucleases para detecção de polimorfismo. Com isso, foi possível gerar quatro marcadores CAPS após digestão com as enzimas *TaqI*, *AluI*, *DraI* e *AvaII*. Esses marcadores foram testados em 94 linhas endogâmicas recombinantes F₆₋₇, sendo que alguns apresentaram segregação em *clusters* indicando que seus locos estão ligados. Apesar de não saber se todos os marcadores gênicos utilizados possuem um papel direto

CBFV²⁰⁰⁹

XII Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal
"Desafios para produção de alimentos e bioenergia"
7 a 12 de setembro de 2009 - Fortaleza - CE



PROMOÇÃO:



na resistência a doenças, ou mesmo se são contribuintes para QTLs (*Quantitative Trait Loci*) associados à resistência, torna-se clara a importância de se obter informações sobre estas seqüências amplificadas. A inclusão de marcadores âncoras no mapa genético de feijão-caupi possibilitará a associação destas seqüências a grupos de ligação contendo genes de resistência, auxiliando a seleção assistida por marcadores.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, resistência, marcadores gênicos.

Órgão financiador: MCT/ FINEP/ CNPq/ BNB/ FACEPE (Programa RENORBIO)