



Análise de polimorfismo de locos microssátelites em feijoeiro comum visando o mapeamento de locos associados ao estresse híbrico e à murcha de *Curtobacterium*.

Camargo, GSO¹; Guimarães, CM²; Wendland, A²; Melo, LC²; Peloso, MJD²; Santos, JB³; Brondani, C²; Brondani, RPV²

¹ Bolsista CNPq, EMBRAPA Arroz e Feijão; ² EMBRAPA Arroz e Feijão;

³ Universidade Federal de Lavras.

grazilasilviacamargo@gmail.com

Palavras-chave: Microssatélites, *Phaseolus vulgaris*, mapeamento genético, estresse biótico e estresse abiótico.

O Brasil é o primeiro produtor mundial da espécie *Phaseolus vulgaris* L. Entre os fatores que afetam o desenvolvimento e produtividade dessa cultura estão o cultivo em condições de déficit hídrico e os estresses bióticos que podem ser causados por pragas e doenças. Este trabalho tem como objetivo avaliar o polimorfismo de um conjunto de marcadores microssátelites (SSR) gênicos (EST-SSR) e genômicos desenvolvidos para o feijoeiro comum visando o desenvolvimento de mapas genéticos e mapeamento de QTLs. Para esse estudo, três populações estão sendo conduzidas, sendo os cruzamentos Pérola x Bat477 e Pérola x Red Mexican contrastantes para a características de tolerância a seca, e o cruzamento Ouro branco x CNFP10132, contrastante para característica resistência à murcha de *Curtobacterium*. Foram utilizados 950 marcadores SSR específicos para o feijão comum, sendo avaliados quanto ao polimorfismo entre os genitores dos três cruzamentos. Destes, 573 são derivados de bibliotecas genômicas e 377 foram gerados a partir de seqüências gênicas expressas depositadas em bancos de dados públicos. No estudo atual, 529 SSRs são inéditos e tiveram suas condições de amplificação ajustadas para posterior teste de polimorfismo entre os genitores dos três cruzamentos. Quanto à intensidade do produto amplificado gerado, 503 locos SSR amplificaram produtos com padrão do tipo específica e 13 do tipo inespecífica. Quanto ao polimorfismo entre os parentais do cruzamento Pérola x Bat477, dos 722 SSR avaliados, 82 (11,3%) foram polimórficos e estão sendo avaliados quanto à segregação na população F2 composta por 188 indivíduos. Desses, 44 (7,7%) são derivados de seqüências genômicas e 38 (10%) são EST-SSRs. Dentre os locos polimórficos, apenas 8 tiveram o polimorfismo detectado em géis de agarose 5% corado com brometo de etídeo, e os demais 74 em géis de poliacrilamida 6% corado com nitrato de prata. Para o cruzamento Pérola x Red Mexican, 98 (13,5%) marcadores foram polimórficos, sendo 51 (9%) marcadores derivados de bibliotecas genômicas e 47 (9,8%) marcadores derivados de seqüências gênicas. Quanto ao cruzamento Ouro branco x CNFP10132, um total de 176 marcadores foram polimórficos, sendo 98 (17%) derivados de SSR genômicos e 78 (16%) derivados de EST-SSRs. Para as duas populações de tolerância à seca e uma de resistência à murcha de *Curtobacterium*, as informações de polimorfismo geradas utilizando marcadores SSR gênicos e genômicos são fundamentais para avançar rumo ao desenvolvimento dos mapas genéticos. Os mapas gerados terão o potencial real de beneficiar o avanço de mapeamento genético em feijão comum visando a identificação de QTLs de componentes de produtividade em feijão comum em condições de déficit hídrico e, também, a identificação de regiões genômicas envolvidas na resposta a resistência à murcha de *Curtobacterium*.

Apoio Financeiro: MP2 Embrapa-Monsanto.