

Análise via PCR de germoplasma de cebola empregando marcadores moleculares derivados de genes análogos de resistência a doenças.

Anne Giselle R. Buzar^{1,2}; Maria do Desterro M. dos Santos¹; Maria Esther de Noronha Fonseca¹; Valter Rodrigues Oliveira¹; Ailton Reis¹; Antonio C. Torres¹; Leonardo S. Boiteux^{1,3}

¹Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças, Embrapa Hortaliças, CP 218, 70359-970, Brasília, DF; ²Universidade de Brasília(UnB), Faculdade de Agronomia e Veterinária (FAV), 70359-970, Brasília, DF; ³Bolsista CNPq. E-mail: boiteux@cnpq.embrapa.br

A cultura da cebola é afetada por um grande número de doenças e alguns genes de resistência têm sido descritos nesta espécie. Alguns dos genes de resistência de plantas a patógeno já isolados apresentam homologia entre si e estas similaridades estruturais possibilitaram a estratégia de amplificar via PCR, fragmentos genômicos análogos aos genes de resistência em distintas espécies. Objetivo deste trabalho foi conduzir uma análise do tipo "fingerprinting" de uma coleção germoplasma de cebola utilizando o sistema de marcadores "DR Analogs". Este germoplasma é composto por acessos adaptados a regiões tropicais e com diferentes respostas a antracnose e ao míldio. Foi empregada uma estratégia de amplificação via PCR heterólogo com dez combinações de "primers". Um total 66 amplicons passíveis de serem anotados foram obtidos. O número de amplicons por primer variou de quatro até 12. Diferenças foram observadas para os padrões dos amplicons entre os diferentes acessos, porém em um nível relativamente baixo para uma espécie alógama como a cebola. Uma análise empregando um conjunto mais amplo de "primers" DR está em andamento. Um subgrupo de amplicons (polimórficos ou não) está sendo purificado e clonado visando uma caracterização mais refinada incluindo análise de seqüência. Todas estas populações possuem adaptação a uma ou mais regiões tropicais e apresentam diferentes tipo de resposta a infecção por patógenos. Desta forma, estes marcadores poderão ser úteis em trabalhos de mapeamento genético e poderão dar subsídios no processo de identificação de materiais com resistência múltipla a doenças.