

## **Análise de polimorfismo de locos microssátelites em feijoeiro comum**

*Cristóvão de Jesus Vieira Teixeira<sup>1</sup>, Helton Santos Pereira<sup>2</sup>, Leonardo Cunha Melo<sup>3</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>4</sup>, Tereza Cristina de Oliveira Borba<sup>5</sup>*

O Brasil é o primeiro produtor mundial da espécie *Phaseolus vulgaris* L (feijoeiro comum) e a adaptação de desta cultura a ambientes submetidos a estresses é um desafio para os programas de melhoramento. Para tanto é necessário entender o comportamento da cultura em diferentes ambientes e entre os fatores que afetam de maneira expressiva o desenvolvimento e produtividade dessa cultura está o estresse por déficit hídrico. A análise genômica, baseada na tecnologia de marcadores moleculares, tem sido realizada com sucesso para diversas espécies vegetais. Esses marcadores fornecem medidas precisas da variabilidade genética existente entre e dentro dos acessos de germoplasma e orientam a utilização destes, nos programas de melhoramento genético vegetal. Os marcadores microssátelites (SSR) são considerados ideais para fins de análise genética por combinarem uma série de características vantajosas, como herança do tipo co-dominante, multialelismo, ampla distribuição no genoma e amplificação via PCR. Este trabalho tem como objetivo avaliar o polimorfismo de um conjunto de marcadores microssátelites (SSR) gênicos e genômicos desenvolvidos para o feijoeiro comum visando o desenvolvimento de mapas genéticos e mapeamento de QTLs relacionados à déficit hídrico. Nesse estudo foi avaliada a geração  $F_{5:6}$  do cruzamento Pérola x Bat477, cultivares contrastantes para a características de tolerância a seca. Foi avaliado, quanto ao polimorfismo, um conjunto superior a 500 marcadores, porém o polimorfismo existente entre os parentais é pequeno e gira em torno de 10%. O polimorfismo entre os parentais do cruzamento Pérola x Bat477 está sendo avaliado em géis de poliacrilamida 6% corado com nitrato de prata. 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 de identificar QTLs de componentes relacionados à tolerância à seca em feijão comum.

<sup>1</sup> Bolsista Embrapa Arroz e Feijão, Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, cristovao965@hotmail.com

<sup>2</sup> Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador, Embrapa Arroz e Feijão, helton@cnpaf.embrapa.br

<sup>3</sup> Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador, Embrapa Arroz e Feijão, leonardo@cnpaf.embrapa.br

<sup>4</sup> Engenheira Agrônoma, Pesquisadora, Doutora em Ciências Biológicas (Biologia Molecular), pesquisadora, Embrapa Arroz e Feijão, rosanavb@cnpaf.embrapa.br

<sup>5</sup> Engenheira de Alimentos, Doutora em Genética e Melhoramento de Planta, pesquisadora, Embrapa Arroz e Feijão, tereza@cnpaf.embrapa.br