



IV Encontro de Iniciação Científica e Pós-graduação da Embrapa Clima Temperado

CIÊNCIA E INOVAÇÃO PARA 2050: QUAL O FUTURO QUE QUEREMOS?

SCREENING DE LOCOS MICROSSATÉLITES E SUA APLICAÇÃO NA GENOTIPAGEM DE RECURSOS GENÉTICOS DE *Prunus persica*

Liane B. Thurow¹; Roberta B. Kneib²; Maria do Carmo B. Raseira³; Sandro Bonow³; Caroline
M. Castro³

¹Eng. Agrônoma, Mestranda do Programa de Pós-graduação em Agronomia - Fitomelhoramento, UFPel, bolsista da CAPES/CNPq. E-mail: lianepel@yahoo.com.br

²Estudante do curso de Graduação em Agronomia, UFPel, bolsista de iniciação científica da Embrapa.

³Eng. Agrônomo, Doutor, Pesquisador da Embrapa Clima Temperado.

Marcadores microssatélites são considerados os mais adequados para estudos de genotipagem e análise de variabilidade genética em *Prunus* e recentemente vem sendo utilizados em estudos de estrutura genética populacional e desequilíbrio de ligação visando à determinação de estratégias que possibilitem a seleção assistida por marcadores moleculares em pessegueiro. Diante do exposto, uma etapa extremamente importante é a seleção de *primers* que gerem boa amplificação e mostrem polimorfismo dentro da coleção a ser analisada. O objetivo deste trabalho foi selecionar locos microssatélites com o intuito de genotipar e analisar a estrutura de população em uma coleção com aproximadamente 200 acessos de *P. persica*. O *screening* foi realizado com base em média de oito genótipos e foram testados 42 locos SSR previamente desenvolvidos para pessegueiro. O programa de amplificação foi executado em termociclador modelo GeneAmp PCR System 9700 de acordo como segue: ciclo inicial de desnaturação a 94° C por 1 minuto, seguido de 35 ciclos a 94°C por 45 segundos, anelamento de acordo com a temperatura ideal de cada *primer* por 45 segundos e extensão a 72°C por 2 minutos, finalizando com um ciclo de extensão a 72°C por 4 minutos. Os produtos das reações de amplificação foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida 6% e corados com nitrato de prata. Como critério para escolha dos locos SSR foram considerados a sua distribuição nos oito grupos de ligação do mapa de referência de *Prunus*, a informação de polimorfismo e os padrões de amplificação claros e repetitivos. Foi realizada uma ampla revisão na literatura a fim de comparar posteriormente a variabilidade genética desta espécie existente no Brasil com acessos oriundos de outras regiões geográficas. Como resultado foram selecionados 10 locos SSR (BPPCT020, pchgms3, BPPCT002, BPPCT007, BPPCT015, BPPCT014, BPPCT017, UDP98-407, CPPCT022 e CPPCT006) para genotipagem em sequenciador LI-COR 4300.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e Embrapa.