



Teles, FL¹; Ferreira, LG²; Kozłowski, ALR¹; Nunes, RC²; Silva, GFO¹; Sibov, ST¹; Carneiro, MS²; Brondani, RV³; Buso, GSC⁴; Bassinello, PZ³; Brondani, C³; Melo, LC³; Peloso, MJ³

¹Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás; ²Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás; ³Embrapa Arroz e Feijão; ⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

Seleção de microssatélites polimórficos para o mapeamento de QTLs para teor de fibra em feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)

A disponibilidade de mapas altamente saturados, construídos com marcadores moleculares, é o que possibilita a identificação e o mapeamento de locos para características quantitativas (QTLs). O desequilíbrio de ligação existente entre os alelos do marcador e do QTL são detectados e estimados através de análises estatísticas desenvolvidas especificamente para estes estudos. Assim, o principal objetivo deste trabalho é o mapeamento de QTLs para teor de fibras em feijão utilizando-se marcadores moleculares do tipo microssatélites. Foram utilizadas duas linhagens (CNFC 7812 e CNFC 7829) contrastantes para o caráter teor de fibra, o híbrido (CNFC 7812 X CNFC 7829) e uma população F₂ obtida da autofecundação deste. Para as análises moleculares, a seleção de marcadores polimórficos para a construção do mapa de ligação é o primeiro passo para o mapeamento utilizando marcadores moleculares. Os testes foram realizados utilizando o DNA das linhagens genitoras e de quatro indivíduos da população F₂. Foram testados pares de *primers* das bibliotecas PV (*Phaseolus vulgaris*), BM (Bean microsatellite) e AJ416, totalizando 84 microssatélites. Para a reação de amplificação por PCR foram utilizados 15 ng de DNA genômico em um volume final de 15 µL contendo: 50 mM KCl, 20 mM Tris-HCl pH 8,8; 1,5 mM MgCl₂; 0,4 mM dNTPs; 0,28 µM de cada *primer* e 1U de *Taq* DNA polimerase. Utilizou-se termociclador modelo My Cycler (Bio-Rad), programado para 30 ciclos repetidos de 94°C por 1 minuto, 48°C a 56°C (dependendo do par de *primers*) por 1 minuto e 72°C por 7 minutos. Após, foi realizado um ciclo adicional de extensão a 72°C por 1 minuto. Os produtos das reações de amplificação foram separados eletroforéticamente em géis de poliacrilamida a 6% corados com nitrato de prata. Até o momento, foram selecionados 30 *primers* polimórficos para população analisada representando 35,71%. Observou-se que os pares de *primers* da biblioteca PV apresentaram mais polimorfismo, com 20 polimórficos (66,67%). A partir dos resultados da seleção dos microssatélites polimórficos, será iniciada a genotipagem das 94 progênes F₂ que formam a população de mapeamento. ■

Apoio Financeiro: PRODETAB/EMBRAPA, CAPES.