

A Amazônia na Era Genômica e Pós-Genômica



4º ENCONTRO DE GENÉTICA DO AMAZONAS
1º ENCONTRO DE GENÉTICA DA REGIÃO NORTE

LIVRO DE RESUMOS

5

1
P-2010.00288

Livro de resumos.

2003

PC-PP-2010.00288

2003, Manaus - AM



CPAA-24360-1

MAPAS DE LIGAÇÃO AFLP E IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA À *Xanthomonas campestris* pv. *Passiflorae* EM MARACUJÁ-AMARELO

Lopes, R.₁; Lopes, MTG.₂; Camargo, LEA.₃; Vieira, MLC.₄

1 Embrapa Amazônia Ocidental; 2 Faculdade de Ciência Agrárias – UFAM; 3 Departamento Entomologia, Fitopatologia e Zoologia Agrícola – ESALQ/USP; 4 Departamento de Genética – ESALQ/USP

ricardo@cpa.embrapa.br

Palavras chave: mapeamento genético, resistência genética, marcadores moleculares

Uma população F1 composta de 117 plantas derivada do cruzamento entre os acessos de maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg., 2n=18) i.é, IAPAR-06 (genitor masculino, suscetível à *X. campestris* pv. *passiflorae*) e IAPAR-123 (genitor feminino, resistente à bacteriose) foi usada para construção de mapas de ligação de AFLP e identificação de locos de resistência. A população de mapeamento foi inoculada, e a área foliar média lesionada foi avaliada. A combinação das enzimas de restrição *EcoRI/MseI* (E/M) e *PstI/MseI* (P/M) foram usadas em associação com um nucleotídeo seletivo no estágio de pré-amplificação, e três nucleotídeos na amplificação seletiva para geração das marcas de AFLP. Locos que se ajustaram à segregação 1:1 foram analisados de acordo com a estratégia “duplo pseudocruzamento-teste”. A análise de QRLs foi realizada por regressão linear múltipla e pelo método de mapeamento por intervalo composto. O mapa de ligação do acesso IAPAR-06 foi contruído usando 115 marcadores, dos quais 112 forma alocados em 9 grupos de ligação (GL) cobrindo 790,2 cM. O comprimento dos grupos variou de 11,9 a 208,0 cM, e 35,7% dos marcadores foram posicionados no mapa como acessórios. O mapa de ligação do acesso IAPAR-123 foi construído usando 140 marcadores, dos quais 138 foram alocados em 9 grupos de ligação cobrindo 473,2 cM. O comprimento dos grupos variou de 8,4 a 124,7 cM, e 61,6% dos marcadores foram posicionados no mapa como acessórios. Em ambos os mapas, a distribuição dos marcadores AFLP não foi aleatória, pois houve a formação de “clusters”. A análise de regressão linear múltipla revelou que dois marcadores apresentaram associações com QRLs. As marcas PM023558 (GL 2) e EM2378 (GL 9) explicaram 17,4% e 3,9% da variação fenotípica para área média de lesão, respectivamente. Ambos foram incluídos no mapa do acesso IAPAR-123 como marcadores acessórios. O mapeamento por intervalo composto identificou um QRL entre os marcadores do GL 2 (mapa do IAPAR-123), EM161461 e EM01156 explicando 15,8% da variação fenotípica, o qual corresponde ao QRL identificado pelo marcador PM023558 pela análise de regressão múltipla.

Apoio financeiro: FAPESP