

DESENVOLVIMENTO DE UM MAPA GENÉTICO PARA O CRUZAMENTO INTERESPECÍFICO DE PIMENTÃO/PIMENTA (*Capsicum annuum* X *C. chinense*) BASEADO EM MARCADORES MICROSSATÉLITES. ³Welter L, ⁴Sardagna AA, ²Boiteux L, ¹Buso GSC e ⁴Ferreira ME. ¹EMBRAPA-Recursos Genéticos e Biotecnologia; ²Embrapa – Hortaliças; ³Pos-graduacao em Recursos Geneticos Vegetais – UFSC; ⁴Universidade Católica de Brasília. leocir@hotmail.com

O desenvolvimento de mapas genéticos utilizando marcadores moleculares transformou-se, na última década em uma ferramenta importante na análise genética e no melhoramento de plantas. Os marcadores microsatélites apresentam expressão co-dominante, elevado polimorfismo e distribuição freqüente ao longo do genoma eucarioto, o que potencializa sua aplicação em estudos genéticos. O presente trabalho objetiva o desenvolvimento de um mapa genético para pimentão/pimenta utilizando marcadores microsatélites, com avaliação fenotípica para resistência a doenças viróticas. A população utilizada para o mapeamento é composta de 94 indivíduos F₂, selecionados ao acaso, derivada do cruzamento interespecífico *Capsicum annuum* (parental suscetível) x *C. chinense* (parental resistente). De um total de 269 pares de iniciadores microsatélites originalmente desenvolvidos, 219 foram utilizados para avaliar o polimorfismo entre os parentais do cruzamento. Destes, independentemente de procedimentos de otimização, 141 amplificaram locos microsatélite, visualizados em gel de poliacrilamida, corado com nitrato de prata, e foram selecionados para uso imediato. Setenta e sete por cento dos pares de iniciadores microsatélites (108) que amplificaram produtos de PCR apresentaram polimorfismo entre os parentais, ou seja, são potencialmente úteis para o mapeamento. Alguns dos locos testados na população F₂ apresentaram segregação alélica distorcida em relação às proporções Mendelianas esperadas, ao nível de significância 0,05. O valor médio do qui-quadrado foi de 71,32, variando de 9,6 para o loco CA136 a 168,73 para o loco CA174. Há uma evidente supressão dos genótipos heterozigotos nestas situações. Por ser um cruzamento amplo, interespecífico, espera-se um elevado número de locos com proporções alélicas distorcidas nesta população. Entre as causas da distorção postula-se a ligação de marcadores com locos deletérios e a supressão de recombinação entre genomas distantes hibridizados sinteticamente. O mapa genético baseado em microsatélites será utilizado na identificação de regiões genômicas que controlam resistência a viroses em *Capsicum*. Órgão Financiador : Prodetab