



VEGETAIS

DESENVOLVIMENTO, CARACTERIZAÇÃO E MAPEAMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES DO CAJUEIRO (*Anacardium occidentale*)

Natalia da Silva e Lamas¹; Marco Antonio Ferreira²; José Jaime Vasconcelos Cavalcanti³; Marcio Elias Ferreira²; Glaucia Salles Cortopassi Buso²;

¹ Universidade de Brasília – UnB - nslamas@gmail.com;

² Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - mantonio@cenargen.embrapa.br; ferreira@cenargen.embrapa.br; buso@cenargen.embrapa.br; ³ Embrapa Agroindústria Tropical - jaime@cnpat.embrapa.br;

Palavras chave: caju, SSR, biblioteca enriquecida, mapa genético

O cajueiro é uma planta cultivada em várias partes do mundo tropical cultivada para produção de amêndoa e suco. No Brasil, no nordeste brasileiro, apresenta importância econômica em estados como Ceará, Piauí e Rio Grande do Norte. O agronegócio do caju representa movimentação de 157 milhões de dólares em exportações de amêndoas, geração de empregos nas etapas de produção, industrialização e comercialização. Apesar da importância socio-econômica, a cajucultura tem empregado poucas tecnologias, além de possuir fatores que prejudicam a cultura, como ocorrência de pragas em várias fases do desenvolvimento. A aplicação da biotecnologia, como o desenvolvimento e uso de marcadores moleculares, pode dar novo foco aos estudos de diversidade e ao melhoramento genético, possibilitando o aumento da produtividade e qualidade dos produtos. Até o momento, poucas são as informações a respeito de marcadores moleculares e genes que controlam caracteres de importância econômica neste gênero. Este trabalho visa desenvolver e disponibilizar uma bateria de locos microssatélites para *A. occidentale* a partir da construção de bibliotecas genômicas enriquecidas e inclusão dos primers polimórficos no mapa genético de caju. O DNA foi extraído de folhas frescas, segundo o protocolo CTAB 2%. Cerca de 50µg de DNA foram digeridos com a enzima de restrição *Mse* I. Os fragmentos entre 200 e 800pb foram recuperados, purificados do gel e ligados aos adaptadores específicos à enzima. Foi feito o enriquecimento e posterior reação de PCR com os fragmentos recuperados; Em seguida, os mesmos foram ligados ao plasmídeo pGEM-T e transformados em *E. coli*, cepa XL 1-Blue. Das 5472 colônias positivas, 540 foram utilizadas para sequenciamento. Foram encontrados 117 microssatélites com mais de seis repetições, mostrando um rendimento de 21%, sendo que 103 evidenciaram regiões para desenho de pares de *primers* pelo programa Primer 3. Destes, 45 foram selecionados pela



VEGETAIS

presença de polimorfismo nos parentais para serem caracterizados e utilizados no mapeamento. Os primers foram sintetizados, otimizados, e foram utilizados na saturação do mapa já existente de uma população segregante de caju e representam ferramenta importante para os estudos genéticos do cajueiro.

Fonte Financiadora: EMBRAPA