

Caracterização molecular e análise de transferibilidade de marcadores microssatélites em Leguminosae

Garcia^{1,2}, RAV; Brondani¹, C; Silva¹, HT; Brondani¹, RPV

¹Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia;

²Universidade Federal de Goiás, Goiânia
roberthagarcia@yahoo.com.br

Palavras-chave: SSRs, *Phaseolus vulgaris*, Leguminosae

Os legumes (Leguminosae ou Fabaceae) constituem a terceira maior família de plantas superiores, com cerca de 640 gêneros, sendo que a maioria dos legumes economicamente importantes pertence à subfamília Papilionoideae. Estudos de macrosintenia entre genomas de leguminosae têm revelado que, analogamente ao observado em gramíneas, substanciais níveis de conservação de regiões genômicas têm sido observados, apesar das variações em relação ao tamanho dos genomas e número de cromossomos entre as espécies. Marcadores microssatélites são úteis para o estabelecimento de correlação entre genomas devido a sua natureza co-dominante e o elevado multialelismo dos locos gênicos. Os objetivos deste estudo foram avaliar um conjunto de SSRs desenvolvidos a partir do genoma do feijoeiro comum quanto ao conteúdo de informatividade gênica e a capacidade de transferibilidade para espécies de leguminosae, incluindo organismos-modelo e espécies de interesse comercial. Um total de 120 locos SSRs mapeados no genoma de feijão (107 genômicos e 13 gênicos), com boa cobertura genômica e com padrão de amplificação específica foram utilizados no estudo. Os marcadores foram caracterizados em um painel composto por 16 genótipos de feijão, representativos das 6 principais classes de grãos comerciais. Dos 120 locos, 75 (62,5%) foram polimórficos, sendo que o número de alelos detectados variou de dois a dez, com média de 4 alelos por loco. O conteúdo médio de informação de polimorfismo estimado a partir do programa GDA foi de 0,61, com as estimativas variando de 0,23 a 0,93. A análise de transferibilidade foi realizada utilizando um conjunto de 11 espécies da família Leguminosae, representativas de 6 gêneros. Conforme o esperado, os maiores índices de amplificação interespecífica foram observados para as espécies do gênero *Phaseolus* (57,5%), seguido por *Vigna* (19,44%), *Glycine* (16,5%) e *Arachis* (0,8%). Os SSRs derivados de seqüências gênicas apresentaram maiores taxas de transferibilidade (48,95%), sendo totalmente amplificados nas espécies do gênero *Phaseolus*. O conhecimento da conservação de locos microssatélites entre espécies da tribo Phaseoleae, que inclui os legumes adaptados a climas tropicais, como o feijão, caupi e a soja, que representam 75% dos legumes comercializados no mundo todo, é essencial, uma vez que os marcadores SSRs com elevado conteúdo informativo geram a possibilidade de serem realizados estudos comparativos e integrar informações genômicas obtidas em cada uma destas espécies.

Apoio Financeiro: Capes, USDA.