



Ferreira, LG<sup>(2)</sup>; Teles, FL<sup>(1)</sup>; Nunes, RC<sup>(2)</sup>; Kozłowski, AL<sup>(1)</sup>; Bassinello, PZ<sup>(3)</sup>; Brondani, C<sup>(3)</sup>; Brondani, RV<sup>(3)</sup>; Buso, GSC<sup>(4)</sup>; Melo, LC<sup>(3)</sup>; Peloso, MJ<sup>(3)</sup>; Sibov, ST<sup>(1)</sup>; Carneiro, MS<sup>(2)</sup>

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

## Seleção de marcadores microssatélites para construção de mapa genético em feijoeiro comum (*Phaseolus Vulgaris* L)

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) faz parte da dieta de mais de 300 milhões de pessoas em todo o mundo. Esta cultura tem merecido grande destaque no cenário nacional e internacional por suprir as necessidades dos consumidores que aproveitam esses grãos como fonte básica e barata de proteínas e calorias. A compreensão a nível molecular de características relacionadas à qualidade nutricional poderá permitir uma melhor exploração na variabilidade genética existente, implicando resultados mais eficientes em programas de melhoramento. Nesse sentido, a construção de mapas genéticos permite a ordenação e a localização de marcadores moleculares relacionados com teor de proteína. O objetivo deste trabalho foi selecionar marcadores microssatélites polimórficos em um cruzamento entre uma linhagem de feijoeiro carioca (CNFC7812) e preto (CNFP 8056). Essas linhagens são contrastantes para o teor de proteína, e foram cruzadas, originando uma população F<sub>2</sub> que será utilizada na construção de um mapa genético. Na triagem dos marcadores microssatélites polimórficos foram usados os genitores e quatro indivíduos da F<sub>2</sub>. O DNA foi isolado pelo método CTAB, e posteriormente quantificado em gel de agarose 1%. As reações de amplificação foram realizadas com 15 ng de DNA, Buffer 1X, MgCl<sub>2</sub> 1,5 mM, dNTPs 0,4 mM, 0,28 μM dos primers R + F, 1U de Taq DNA polimerase e água MiliQ (15 μl, q.s.p.). As amostras foram submetidas à desnaturação inicial de 94°C por 5 minutos, 30 ciclos de 94°C por 1 minuto; temperatura de anelamento do primer (48 a 56°C) por 1 minuto e a extensão final a 72°C por 1 minuto. Os produtos resultantes da amplificação foram submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida a 6% e a visualização das bandas realizada em solução de nitrato de prata. Foram analisados 86 marcadores SSR construídos a partir das bibliotecas PV (*Phaseolus vulgaris*), BM (Bean microsatellite) e AJ416. Deste total, 29 foram polimórficos entre os genitores, o que corresponde a 33,72%. Os resultados mais expressivos foram encontrados naqueles isolados a partir das bibliotecas PV e BM, com respectivamente 30,4% e 41,6% de marcadores informativos. Novos marcadores microssatélites serão testados, e a partir dos resultados da seleção dos microssatélites polimórficos, será iniciada a genotipagem das 94 progênies F<sub>2</sub> que constituirão a população de mapeamento. ■

Apoio Financeiro: PRODETAB/EMBRAPA, CAPES.