



roberthagarcia@yahoo.com.br

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; Melhoramento; Marcadores moleculares

Garcia, RAV^{1,3}; Brondani, RPV¹; Brondani, C¹; Melo, L¹; Buso, GSC²; Bassinello, PB¹; Carneiro, MS³; Sibov, ST⁴; Peloso, MJ¹

¹Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia; ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília; ³Universidade Federal de Goiás, Goiânia;

⁴Universidade Estadual de Goiás, Anápolis.

Mapeamento genético do feijoeiro comum utilizando marcadores SSRs para a identificação de QTLs associados à característica tempo de cocção

O melhoramento genético do feijoeiro comum tem forte impacto na cadeia produtiva, na distribuição de renda e na qualidade da alimentação da população, principalmente a de baixa renda. A construção de detalhados mapas genéticos por meio de marcadores moleculares, incluindo os microssatélites (SSRs), tem gerado uma vasta quantidade de informações úteis para identificar, manipular e complementar informações genéticas que visam a obtenção de genótipos superiores. Deste modo, o geneticista pode avaliar a composição genotípica de populações inteiras, seguir segmentos cromossômicos ou marcadores individuais relacionados a características de interesse, durante todo o desenvolvimento de uma cultivar. Este estudo tem como objetivo construir um mapa genético para feijão baseado em marcadores SSRs, o qual será utilizado para a análise de QTLs (Quantitative Trait Loci) para o tempo de cocção em feijão. Esta característica é de extremo interesse pois o mundo moderno demanda produtos de cozimento rápido. Foi utilizada neste estudo uma população segregante RC1F1 obtida pelo cruzamento entre os genótipos Laranja (parental doador), selecionado para a característica tempo de cocção reduzido, e CNFM 7875 (parental recorrente) bem adaptado às condições de cultivo e com qualidade agrônômica desejável, além de possuir cor, tamanho e formato de grão comercial. Um conjunto de 288 marcadores SSR, previamente desenvolvidos, caracterizados e disponibilizados na literatura para feijão, foram testados quanto às condições de amplificação e ao polimorfismo entre os genitores. Dos 288 marcadores testados, após a otimização das condições da PCR, 250 amplificaram produtos de boa qualidade fornecendo um padrão de bandas de fácil interpretação, e apenas 38 (13%) produziram amplificação inespecífica ou nenhuma amplificação. Dos 250 SSRs com padrão de amplificação satisfatório, 61 (24%) apresentaram polimorfismo entre os genitores detectado em gel de poliacrilamida de alta resolução. Os marcadores SSRs identificados como polimórficos estão sendo genotipados na população segregante e os dados de segregação de 94 indivíduos RC1F1 serão utilizados para a construção do mapa de ligação e análise de QTLs. A expectativa é que sejam identificados via seleção assistida por marcadores indivíduos com tempo de cocção no mínimo igual ao do genitor doador, porém com as características fenotípicas favoráveis do genitor recorrente visando obter cultivares adaptadas de aceitação comercial, com o valor agregado de menor tempo de cocção. ■

Apoio Financeiro: Prodetab.