



allencrqueira@gmail.com; buso@cenargen.embrapa.br

Palavras chaves: Microssatélites,  
 Biblioteca enriquecida para SSRs, *Phaseolus vulgaris*

<sup>1</sup>Cerqueira, AA; <sup>1</sup>Azevedo, VCR; <sup>1</sup>Amaral, ZPS; <sup>1</sup>Ferreira, MA; <sup>1</sup>Ohse, BJG; <sup>2</sup>Brondani, RV; <sup>2</sup>Brondani, C; <sup>2</sup>Del Peloso, MJ; <sup>2</sup>Melo, LC;  
<sup>2</sup>Bassinello, PZ <sup>3</sup>Carneiro, ST; <sup>3</sup>Sibov, MS; <sup>1</sup>Buso, GSC  
<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; <sup>2</sup>Embrapa Arroz e Feijão; <sup>3</sup>Universidade Federal de Goiás.

## Identificação, desenvolvimento e caracterização de regiões hipervariáveis (microssatélites) para estudos genéticos do feijoeiro comum

O Brasil é o primeiro produtor mundial da espécie *Phaseolus vulgaris*. Contudo, com a tendência de abastecimento do mercado, além da continuidade das pesquisas para o aumento da produção em condições de cultivo menos favoráveis, como sob estresses de seca ou doenças, existe a necessidade premente de melhorar a qualidade de grão, beneficiando diretamente a população brasileira, sobretudo a de baixa renda. Portanto, há a necessidade de se desenvolver métodos que acelerem a capacidade analítica dos estudos genéticos de feijão, como localizar regiões genômicas que controlam caracteres de importância, por meio do mapeamento genético. Microssatélites (SSRs) são os marcadores genéticos mais apropriados, pois são baseados em PCR, têm herança codominante, alto conteúdo de informação de polimorfismo, são multialélicos e podem ser semi-automatizados em ensaios com multiplexes. Neste estudo, DNA genômico da cultivar de feijão Pérola foi digerido com a enzima *Tsp* 509 I. Os fragmentos que continham SSRs foram recuperados por meio da metodologia de hibridização a oligonucleotídeos biotinizados, ligados a contas magnéticas. Esta fração de DNA enriquecida para seqüências microssatélites do tipo AG foi utilizada para construção de uma biblioteca genômica. Após ligação do DNA ao plasmídeo, células de *E. coli* (XL1-blue) foram transformadas e 1513 clones foram selecionados por PCR-ancorado. Setecentos e quarenta e cinco clones foram seqüenciados e as seqüências flanqueadoras das repetições foram utilizadas para o desenho de primers. Destes, 250 primers foram desenhados e testados e 201 foram otimizados, sendo que 16 foram caracterizados utilizando-se 84 acessos representativos da coleção de germoplasma de feijão mantida pela Embrapa Arroz e Feijão. O número médio de alelos por loco foi 6,62 enquanto a diversidade gênica variou de 5% a 93%. Espera-se que 40 primers, do total desenvolvido, sejam caracterizados para que os novos dados gerados indiquem a potencial utilidade em estudos de variabilidade e estrutura genética das coleções, de mapeamento de características importantes para o melhoramento do feijão e utilização futura na seleção assistida por marcadores e análise de pedigrees. ■

Apoio financeiro: Prodetab.