

MAPEAMENTO DE GENES MODIFICADORES DO ENDOSPERMA NO MUTANTE *opaco-2* VIA RFLP E ANÁLISE DE SEGREGAÇÃO EM BULK

Lopes¹, M.A. e Larkins, Brian A.

Análise de segregação em bulk (BSA) e "restriction fragment length polymorphism" (RFLP) foram usados para mapeamento de genes modificadores do endosperma em populações segregantes obtidas do cruzamento entre mutantes *opaco-2* e *opaco-2* modificado. Um locus modificador foi mapeado na mesma região cromossômica onde estão localizados os genes que codificam a proteína de reserva gama-zeína. Análise deste locus através da reação de amplificação em cadeia (PCR) indicou variações alélicas que correlacionam com variações no nível de modificação do endosperma. Para melhor analisar as alterações genéticas associadas com o processo de modificação do endosperma os genes que codificam gama-zeína foram clonados, sequenciados e comparados entre genótipos *opaco-2* e *opaco-2* modificados. Os resultados indicaram que, para os materiais analisados, o locus do genótipo modificado tem dois genes correspondentes à gama-zeína enquanto o locus do genótipo não modificado tem apenas um gen. O conhecimento da alteração genética provocada pelo processo de modificação do endosperma poderá levar a um melhor entendimento do mecanismo de modificação e, conseqüentemente à sua melhor manipulação. Também, o conhecimento da localização deste locus modificador no mapa de ligação facilitará o uso de seleção assistida por marcadores moleculares para rápida transferência de genes modificadores para genótipos elite, facilitando assim o rápido desenvolvimento de híbridos de alta qualidade nutricional com desempenho agrônômico superior.

¹ Pesquisador EMBRAPA/CNPMS, Caixa Postal 151, Sete Lagoas - MG, CEP 35701-970