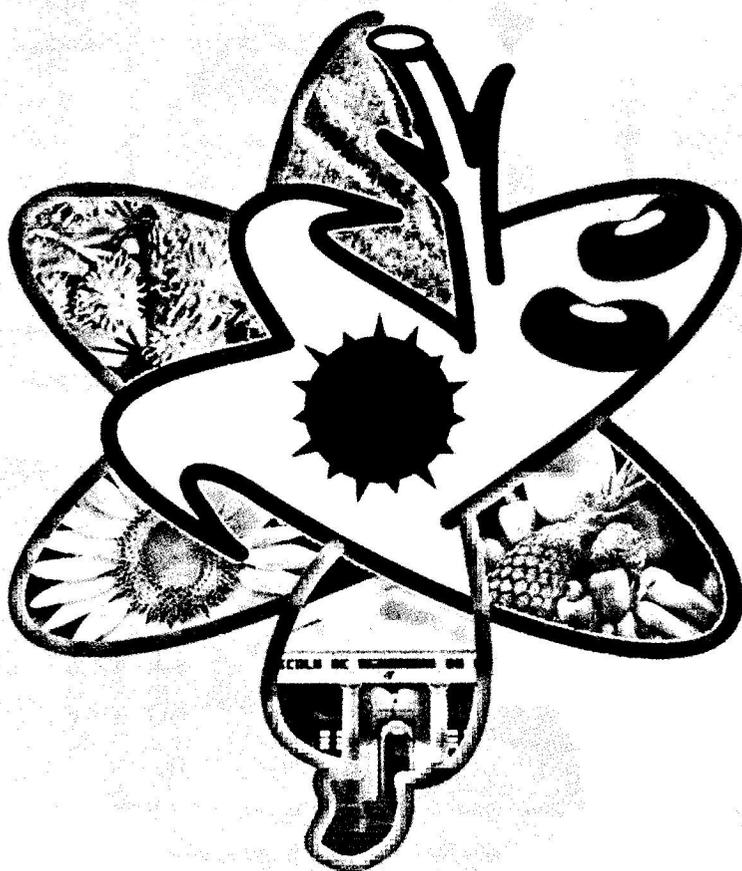


# CBFV<sup>2009</sup>

**XII Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal**  
**“Desafios para produção de alimentos e bioenergia”**  
**7 a 12 de setembro de 2009 - Fortaleza - CE**



## LIVRO DE RESUMOS

Promoção:



Sociedade  
Brasileira de  
Fisiologia  
Vegetal

Realização:



UFC

**Embrapa**

*Agroindústria Tropical*

seguida da análise dos compostos volatilizados por GC/MS (py-GC/MS) tem sido utilizada com diversas finalidades, dentre elas, a determinação da relação siringila/guaiacila (S/G) da lignina de material vegetal. O método apresenta diversas vantagens: o material requer processamento mínimo; cada corrida é realizada em um tempo médio de apenas 1,5 horas e uma pequena quantidade de material é utilizada (de 1 a 100 mg). O objetivo do presente trabalho foi determinar a temperatura de pirólise mais adequada para a caracterização da relação S/G da lignina de bagaço de cana. As temperaturas de pirólise estudadas compreenderam uma faixa entre 400 °C a 650 °C, usando resíduo de lignina Klason como substrato. As temperaturas de 400 °C e 450 °C foram as mais informativas, resultando em seis compostos não identificados (ni) e outros 48 compostos identificados, dentre estes, produtos da pirólise de lignina ou carboidratos de parede celular. A partir de 550 °C ocorreu degradação da lignina e perda de informação acerca da sua estrutura, especialmente a temperatura de 650 °C, onde apenas 18 compostos (dentre estes, apenas 7 informativos) puderam ser identificados enquanto outros 24 consistiram de produtos de extensa degradação. Assim, as temperaturas de pirólise mais adequadas foram 400 °C ou 450 °C, ficando estabelecida a temperatura de 450 °C como a temperatura de trabalho para análises posteriores. A pirólise conduzida diretamente em bagaço com extrativo, apesar de resultar em compostos informativos, apresentou uma menor resolução e intensidade de picos quando comparada à análise em lignina Klason.

**Palavras-chave:** *Saccharum officinarum*, lignina, pirólise, etanol  
**Órgão Financiador:** CT-Agronegócio/CT-Biotecnologia/MCT/CNPq n°39/2007

78  
**Mapeamento genético e marcadores moleculares associados à resistência do feijão-caupi ao vírus do mosaico severo**

**Lidiane L. B. Amorim**<sup>1</sup>, Alberto V. C. Onofre<sup>1</sup>, José R. C. Ferreira Neto<sup>1</sup>, Roberta L. Oliveira da Silva<sup>1</sup>, Carolina N. Correia<sup>1</sup>, Manasses D. da Silva<sup>1</sup>, Reginaldo de Carvalho<sup>2</sup>, Ralf Horres<sup>3</sup>, Márcio de C. Moretzsohn<sup>4</sup>, Ilza M. Sittolin<sup>5</sup>, Maurisrael de M. Rocha<sup>5</sup>, Francisco R. Freire Filho<sup>5</sup>, Valesca Pandolfi<sup>1</sup>, Pedranne K. de A. Barbosa<sup>1</sup>, Genira P. de Andrade<sup>6</sup>, Gilvan Pio-Ribeiro<sup>6</sup>, Semiramis J.H.do Monte<sup>7</sup>, Ederson A. Kido<sup>1</sup>, Ana M. Benko-Iseppon

<sup>1</sup>Departamento de Genética/UFPE, Av. Prof. Moraes Rego, s/ no., Cidade Universitária, CEP:50732-970, Recife, PE, Brasil, fone (81) 21267816, E-mail: lidiane.amorim@gmail.com; <sup>2</sup>Departamento de Biologia-Genética/UFPE, Recife, PE, Brasil; <sup>3</sup>GenXpro, Frankfurt Main, Alemanha; <sup>4</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil; <sup>5</sup>Embrapa Meio-Norte/CPAMN, Teresina, PI, Brasil; <sup>6</sup>Depto. de Fitopatologia/UFPE, Recife, PE, Brasil; <sup>7</sup>Laboratório de Imunogenética e Biologia Molecular/UFPI, Teresina, PI, Brasil.

Este trabalho buscou a construção de um mapa genético, visando à identificação de genes de resistência ao *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV) em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp.). Para tal, 221 linhas endogâmicas recombinantes pertencentes a uma geração F<sub>6-7</sub> provenientes do cruzamento entre BR 14-Mulato (resistente) e IT85F 2687 (suscetível), foram inoculadas com CPSMV e avaliadas mediante inspeção visual e teste sorológico de dupla difusão em ágar, usando antígeno específico. Para genotipagem da população foram selecionados marcadores DAF (*DNA Amplification Fingerprinting*), ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) e microssatélites provenientes de seqüências expressas (EST-SSRs) de feijão-caupi do projeto NordEST e do banco de dados *Cowpea Genomics Knowledge Base*, bem como ESTs de *Phaseolus vulgaris* (L.) do TIGR *Plant Transcript Assemblies*. Além disso, foram incluídos primers desenhados para outras leguminosas no projeto *Grain Legume Integrated Project* e primers-âncora desenvolvidos pelo grupo do Dr. Jens Stougaard (Universidade de Aarhus, Dinamarca). Os 137 indivíduos suscetíveis foram facilmente distinguidos dos 84 indivíduos resistentes, uma vez que os primeiros apresentaram sintomas inequívocos de mosaico severo. Em testes de dupla difusão em ágar a formação de linha de precipitação foi observada apenas nos indivíduos suscetíveis. Adotando o LOD de 2,0 e uma freqüência máxima de recombinação de 0,40, foram mapeados 53 locos em 11 grupos de ligação cobrindo uma distância de recombinação de 716,2 cM. O gene de resistência ao CPSMV foi mapeado no grupo de ligação 1, entre dois marcadores SSR derivados de EST do feijão-caupi (VUPIST02011C02 e VUPEST0814E05), a 6,1 cM do primeiro e a 24,1cM do segundo. Estes resultados reforçam a utilidade em usar genes candidatos para desenvolvimento de marcadores e identificação de regiões genômicas que controlam características de interesse. O presente mapa será útil na alocação de marcadores morfológicos em avaliação e na identificação de QTL relacionados a características agronomicamente importantes, assim como para estudos genéticos e evolutivos.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, ESTs-SSR, CPSMV, DAF, ISSR.  
**Órgão financiador:** MCT/ FINEP/ CNPq/ BNB/ FACEPE (Programa RENORBIO)

**Polimorfismos revelados por marcadores CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence) em feijão-caupi visando o mapeamento genético**

Reginaldo de Carvalho<sup>1</sup>, **Lidiane L. B. Amorim**<sup>2</sup>, Ralf Horres<sup>3</sup>, Alberto V. C. Onofre<sup>2</sup>, Ederson A. Kido<sup>2</sup>, Ilza M. Sittolin<sup>3</sup>, Maurisrael M. Rocha<sup>3</sup>, Francisco R. Freire Filho<sup>3</sup>, Genira P. Andrade<sup>4</sup>, Gilvan Pio-Ribeiro<sup>4</sup>, Ana M. Benko-Iseppon<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia-Genética/UFPE, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, CEP:52171-900, Recife, PE, Brasil, fone (81) 33206314, email: reginado.ufpe@gmail.com; <sup>2</sup>Departamento de Genética/UFPE; <sup>3</sup>GenXpro, Frankfurt Main, Alemanha; <sup>4</sup>Embrapa Meio-Norte/CPAMN, Teresina, PI, Brasil; <sup>4</sup>Depto. de Fitopatologia/UFPE, Recife, PE, Brasil

Polimorfismos de DNA são diferenças na seqüência ou disposição dos nucleotídeos entre células, tecidos, indivíduos ou populações. Os marcadores CAPS são baseados na digestão de fragmentos amplificados via polimorfismos de base única ou SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*). Como as enzimas de restrição reconhecem seqüências de bases específicas no DNA, a alteração em um único par de bases pode alterar um sítio de restrição em determinado loco do genoma, gerando o polimorfismo nos tamanhos dos fragmentos de DNA. Genes candidatos relacionados à resposta da planta a estresses bióticos e abióticos estão sendo usados como marcadores moleculares para associar fenótipos expressos em populações segregantes ou banco de germoplasma. O objetivo deste estudo foi identificar polimorfismos entre parentais contrastantes de feijão-caupi para resistência a víruses, a fim de desenvolver marcadores CAPS para aplicação na população segregante de mapeamento, a partir de primers ESTs desenhados para leguminosas modelos. Foram avaliados 21 marcadores desenvolvidos na Universidade de Aarhus, Dinamarca. Cinco foram polimórficos (Leg 713, Leg 929, Leg 791, Leg 843, Leg 763). Os marcadores que amplificaram fragmentos monomórficos foram digeridos com várias endonucleases para detecção de polimorfismo. Com isso, foi possível gerar quatro marcadores CAPS após digestão com as enzimas *TaqI*, *AluI*, *DraI* e *Avall*. Esses marcadores foram testados em 94 linhas endogâmicas recombinantes F<sub>6-7</sub>, sendo que alguns apresentaram segregação em *clusters* indicando que seus locos estão ligados. Apesar de não saber se todos os marcadores gênicos utilizados possuem um papel direto na resistência a doenças, ou mesmo se são contribuintes para QTLs (*Quantitative Trait Loci*) associados à resistência, torna-se clara a importância de se obter informações sobre estas seqüências amplificadas. A inclusão de marcadores âncoras no mapa genético de feijão-caupi possibilitará a associação destas seqüências a grupos de ligação contendo genes de resistência, auxiliando a seleção assistida por marcadores.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, resistência, marcadores gênicos.  
**Órgão financiador:** MCT/ FINEP/ CNPq/ BNB/ FACEPE (Programa RENORBIO)