

Mapeamento genético de marcadores microssatélites derivados de ESTs utilizando a população de referência BAT 93 X JALO EEP558

Garvalho^{1,2}, GL; Garcia^{1,2}, RAV; Camargo^{1,3}, GSO; Brondani, C; Fiúza², R; Martins⁴, WS; Brondani¹, RPV

¹Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia; ²Universidade Federal de Goiás, Goiânia; ³ Uni-Anhanguera, Goiânia; ⁴ Universidade Católica de Goiás

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, mapa referência, EST-SSRs

Mapas genéticos transcrpcionais ou funcionais, baseados em seqüências expressas do genoma, também conhecidas por ESTs, estão consolidados como uma ferramenta útil para localizar genes potencialmente candidatos ao controle de caracteres quantitativos de interesse em diversos organismos. A busca por marcadores derivados de ESTs, seguido pela integração dessas seqüências no genoma, oferece a oportunidade de ampliar a resolução dos mapas genéticos, além de possibilitar a identificação de genes diretamente envolvidos na expressão de um caráter de interesse por meio de análise de co-segregação de genes candidatos e QTLs. Este estudo tem como objetivo principal desenvolver e avaliar quanto ao padrão de amplificação um conjunto de EST-SSRs derivados de *Phaseolus*, seguido pela análise de polimorfismo e mapeamento genético na população BAT93 x JALO EEP558 (BJ). Com ênfase em ampliar o número de marcadores microssatélites para mapeamento genético em feijão, um conjunto de 4.766 EST-SSRs foram gerados a partir do banco de dados públicos de seqüências expressas de *Phaseolus vulgaris* disponível no Genbank, os quais 377 marcadores baseados em repetições do tipo tetra, tri e dinucleotídeos foram sintetizados. Todos os EST-SSRs desenvolvidos foram testados utilizando condições de reação e amplificação padrão, seguido pela detecção de polimorfismo em géis de alta resolução. Dos 377 marcadores, 346 apresentaram boa capacidade de amplificação, corroborando com o fato da alta eficiência de amplificação de marcadores derivados de seqüências expressas. A análise de polimorfismo entre os parentais utilizando 180 marcadores revelou um índice de polimorfismo de 23,8%, sendo que para 3 locos (1,67%) o polimorfismo deu-se em função de alelo nulo. Dos 43 locos polimórficos, 22 (51,16%) foram avaliados até o momento quanto à segregação na população RILs de 70 linhagens F₈. O teste de aderência para a proporção de segregação esperada de 1:1 foi realizado através da análise de FDR, sendo que a segregação de todos os locos foi conforme o esperado. Os 22 EST-SSRs foram consolidados aos demais 103 marcadores previamente mapeados na população BJ, totalizando 125 marcadores. Utilizando LOD de 3,0 e freqüência de recombinação 0,4, 102 marcadores foram mapeados e distribuídos em 11 grupos de ligação. Dos 22 EST-SSRs, 14 foram mapeados em 11 grupos de ligação, sendo que a incorporação de um maior número de EST-SSRs sobre o mapa de SSRs existente está em andamento na Embrapa Arroz e Feijão. Considerando o potencial de marcadores derivados de ESTs serem de fácil amplificação e detectarem índices consideráveis de polimorfismo em feijão comum, um maior número de marcadores deverão ser testados e mapeados. A incorporação de informação de genes candidatos sobre um mapa de referencia baseado em SSRs para feijão comum, além de possibilitar uma ampliação da cobertura genômica, resultará em um mapa com maior conteúdo informativo e maiores perspectivas de uso em estudos comparativos.