

**XII** Congresso  
Fluminense  
de Iniciação Científica  
e Tecnológica



**V** Congresso  
Fluminense  
de Pós-Graduação

Ciência para o Desenvolvimento Sustentável

## CONSTRUINDO UM MAPA GENÉTICO DE *Capsicum annuum* var. *annuum* APLICANDO DIFERENTES MARCADORES MOLECULARES

Paola Alvares Bianchi, Lígia Renata Almeida da Silva, Marcela Santana Bastos Boechat, Helaine Christine Cancela Ramos, Rosana Rodrigues

O mapeamento genético é uma ferramenta importante na identificação da região exata de um gene, e pode ser construído a partir de diferentes tipos e tamanhos de populações, marcadores, procedimentos estatísticos e programas computacionais. Para o melhoramento de plantas a construção de mapas genéticos possui inúmeras finalidades, tais como a cobertura e análise do genoma, o mapeamento comparativo entre diferentes espécies, e a identificação de marcas relacionadas com regiões-chave do genoma para a expressão de características quantitativas (QTLs) e qualitativas. Este trabalho relata a construção de um mapa de ligação em uma população segregante ( $F_2$ ) de *C. annuum* var. *annuum* que se encontra em andamento. A população de mapeamento utilizada foi gerada a partir do cruzamento entre dois genótipos contrastantes de *C. annuum*, identificados como UENF 2285 (parental feminino) e UENF 1381 (parental masculino). A extração de DNA de folhas dos parentais, gerações  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_1$  e  $RC_2$  foi realizada com base no protocolo descrito por Doyle e Doyle. Na genotipagem da população de mapeamento, utilizaram-se marcadores moleculares do tipo ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*), SSR (*Single Sequence Repeats*) e AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*). A análise de ligação foi feita usando o programa Joinmap versão 4.0, e os grupos de ligação foram formados utilizando um LOD score de 4.0. O mapa de ligação preliminar construído com os dados obtidos utilizou oito marcadores polimórficos de ISSR, 110 de AFLP e apenas um SSR, obtidos pela genotipagem. Com as marcas geradas pelo conjunto de iniciadores testados, foram gerados oito grupos de ligação, com um total de 51 marcas distribuídas nesses grupos, que variaram de 29,1 a 255,7 cM de tamanho. Foram obtidas novas marcas polimórficas pela genotipagem com marcadores ISSR que serão incorporadas às demais e incluídas nos grupos de ligação. Sabe-se que o número ideal de grupos de ligação é aquele correspondente ao número haploide da espécie estudada, neste caso  $n=12$ . Ainda se faz necessário lançar mão de mais análises moleculares na população, a fim de alcançar os 12 grupos de ligação e saturar o mapa genético, aumentando sua robustez e confiabilidade.