

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINANTES RESISTENTES E SUSCETÍVEIS AO CABMV E DE SEUS POLIMORFISMOS GENÔMICOS EM FEIJÃO-CAUPI

Jeferson A. Silva¹; Antônio F. da Costa^{2*}; Luciana Gonçalves de Oliveira², Ana M. Benko-Iseppon³, José R. C. Ferreira Neto³, Flávia C. de Araújo³, Wilson D. de Oliveira³, Lillian M. P. Guimarães¹, Alessandro Nicoli⁴.

¹ Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).² Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA).³ Universidade Federal de Pernambuco (UFPE).⁴ Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM). * E-mail do apresentador: felix.antonio@ipa.br

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma leguminosa de grande importância socioeconômica na Região Nordeste do Brasil. A produção de feijão-caupi é limitada pela ocorrência de diversas doenças, entre as quais se destacam as viroses como o vírus do mosaico causado pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). Para controlar essa doença recomenda-se o uso de cultivares resistentes. Estudos envolvendo o mapeamento da resistência são importantes, sendo o uso de marcadores moleculares fundamental para a construção de mapas genéticos. Nesse contexto, o desenvolvimento de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) é uma ferramenta muito útil. Este trabalho objetivou desenvolver RILs e caracterizá-las visando o desenvolvimento das bases para o mapeamento genético. Para isso, uma população de RILs em geração F7 foi obtida a partir do cruzamento entre os parentais BR14- Mulato (suscetível) e IT85F-2687 (resistente) e avaliada quanto à resistência ao CABMV e à cor da flor, cor da semente, cor da vagem seca, número de sementes e comprimento médio das vagens e peso de 100 sementes. Cada genótipo parental teve o seu DNA extraído e testado para amplificação via *polymerase chain reaction* (PCR) para um conjunto de pares de primers desenhado para marcadores do tipo microssatélites (SSR, Simple Sequence Repeats). Entre as 386 RILs obtidas, 174 foram resistentes e 212 suscetíveis ao CABMV e apresentaram diversidade genética significativa. Houve a formação de 21 grupos distintos entre as RILs resistentes e 17 grupos distintos entre as RILs suscetíveis, sendo o comprimento de vagem foi a variável que mais contribuiu para a dissimilaridade. Foi observada uma taxa de segregação 1 resistente: 1 suscetível ao CABMV, complementando o estudo realizado na população F2 e retrocruzamentos, concluindo tratar-se de herança monogênica recessiva. Um percentual de 35% (44) dos marcadores testados apresentou capacidade para detectar polimorfismos entre o DNA genômico dos parentais, sendo potencialmente úteis para aplicação no mapeamento genético.

Palavras-chave: *Cowpea aphid-borne mosaic virus*; marcadores SSR; *Vigna unguiculata*.

Agradecimentos: À CAPES, ao CNPq e à FACEPE (Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco) pelo apoio financeiro.