



Conteúdo disponível em: <https://www.ifgoiano.edu.br/periodicos/>

## Multi-Science Journal

Website do periódico: <https://www.ifgoiano.edu.br/periodicos/index.php/multisc>



Resumo simples

# Desenvolvimento e caracterização de marcadores microssatélites para regiões alvos de resistência à *Meloidogyne spp.* em *Phaseolus vulgaris*

Solange Aline de Carvalho<sup>1\*</sup>; Leticia de Maria Oliveira Mendes<sup>1</sup>; Caio César de Oliveira Pereira<sup>1</sup>; Lucas Donizetti Vieira<sup>2</sup>; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – Campus Urutaí, GO, Brasil. \*Autor para correspondência: [solangecarvalho.mail@gmail.com](mailto:solangecarvalho.mail@gmail.com).

<sup>2</sup>Universidade Federal de Goiás – Campus Samambaia, Goiânia, GO, Brasil.

### INFORMAÇÕES

Histórico do resumo  
Recebido: 24 novembro 2017  
Aceito: 06 dezembro 2017

Palavras chaves:

Marcadores de DNA  
Seleção assistida  
Resistência genética

### RESUMO

O uso de marcadores moleculares tem crescido exponencialmente nos últimos anos, principalmente em estudos de genética de populações de plantas, quando se trata da conservação de espécies importantes ou que estão inseridas em biomas que precisam ser preservados. A exemplo disso, temos a cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris*) cultivado no bioma Cerrado, sendo exposto a diferentes tipos de solos, climas e patógenos. Dentre os patógenos radiculares, os nematoídeos de galha se destacam, sendo considerados pragas do feijoeiro. Diante disso, o objetivo é desenvolver e caracterizar marcadores microssatélites que confirmam resistência ao nematoídeo *Meloidogyne spp.* em feijão comum. Para isso, sequências de QTLs foram selecionadas no banco de dados NCBI, por apresentarem genes homólogos aos da soja por possuírem resistência ao patógeno em questão, sendo identificadas para o feijão, usando o programa “BLAST” no site *Phytozome*. Nove primers foram desenhados utilizando o programa *Primer3*. Foi feita a extração de DNA de sementes de feijão comum, utilizando protocolo de extração pelo método SDS 10%. A quantificação foi feita em eletroforese em gel de agarose a 0,8%, corado com brometo de etídeo (0,5%/ml) em solução tampão (TBE) 1x. Para amplificação e otimização por PCR, o DNA de um único genótipo foi usado, utilizando termociclador. As PCRs funcionais foram submetidas à eletroforese vertical em géis de poliacrilamida (4%) e corados com nitrato de prata. As temperaturas de anelamento (TA) dos primers que apresentaram produto de PCR específicos foram de 52,5°, 55° e 59°, mostrando especificidade nas bandas, confirmando que há regiões alvos de resistência.

