

114

**LOCALIZAÇÃO DE MICROSSATÉLITES NO GENOMA DA AVEIA PARA ALINHAMENTO DE MAPAS MOLECULARES.** Emerson Limberger, Sandra C. K. Milach (Departamento de Plantas de Lavoura – FA – UFRGS, Embrapa Trigo)

O mapeamento do genoma da aveia hexaplóide (*Avena sativa* L.) tem se mostrado uma tarefa desafiadora devido ao tamanho desta espécie. O mapa molecular atual, obtido a partir de linhas recombinantes do cruzamento entre Kanota (*Avena byzantina*) e Ogle (*A. sativa*), é o mais saturado. Foi construído com marcadores do tipo RFLP e AFLP e inclui 32 grupos de ligação, 11 a mais do que os 21 cromossomos da aveia. Marcadores microsatélites foram recentemente desenvolvidos e ainda não foram localizados neste mapa. O presente trabalho objetivou mapear marcadores microsatélites na mesma população Kanota x Ogle, disponibilizando essa informação para o alinhamento desses com os mapas construídos com genótipos brasileiros de aveia. O DNA de 71 linhas foi obtido por micro-extração, quantificado em espectrofotômetro e diluído em soluções de trabalho de 25µg. As reações de amplificação de DNA foram de 25µL e constaram de 50ng de DNA genômico, 200µM de dNTP, uma unidade da enzima *Tac* polimerase, tampão da enzima a 1x, 1,5mM de MgCl e 25ng da combinação de *primers* de microsatélites. Os *primers* de microsatélites utilizados e os ciclos de amplificação para cada par de *primers* foram aqueles descritos por Li *et al.* (2000). A temperatura de anelamento foi determinada pelo tamanho do primer e do alelo. Os fragmentos amplificados de DNA foram separados em gel de poliacrilamida de 3mm a 50°C e 85w, durante aproximadamente duas horas. Os géis foram corados com prata e revelados com solução de carbonato de sódio. Para análise de ligação genética e mapeamento foi utilizado o programa estatístico MAPMAKER. Nove primers foram primeiramente testados nos genótipos Kanota e Ogle, sendo quatro desses polimórficos, resultando em 56% de loci informativos. Cinco desses marcadores foram, então, mapeados na população Kanota x Ogle de linhas recombinantes F<sub>7</sub>. Desses, os *primers* AM4 e AM5 apresentaram amplificação de dois loci diferentes, que foram denominados AM4a, AM4b e AM5a, AM5b, respectivamente. O mapeamento posicionou os cinco microsatélites identificados em cinco grupos de ligação distintos, revelando que esses marcadores estão localizados em diferentes regiões genômicas da aveia. O marcador AM4a foi localizado no grupo de ligação 5, 17,7cM de UMN5047 e 16,4cM de WG605; AM5a no grupo 14, a 11,8cM de CDO1359 e 27,8cM de BCD1842C; AM5b no grupo 2, a 25,1cM de CDO1158 e 31,3cM de BCD1552; AM3 no grupo 36, a 8,7 de UMN498A e 52cM de CDO669A; e o AM14 no três, no fim do grupo 55,7 cM depois de ISU2182B (CNPq).