

IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES POTENCIALMENTE ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA À VASSOURA-DE-BRUXA E PODRIDÃO-PARDA NUMA POPULAÇÃO DE CACAUEIRO (*Theobroma cacao* L.) *

Alfredo Dantas Neto¹, Ronan Xavier Corrêa², Wilson Reis Monteiro¹, Fernanda Amato Gaiotto², Uilson Vanderlei Lopes¹

¹Seção de Genética, Centro de Pesquisas do Cacau, Cx. Postal 07, CEP 45600-970, Itabuna, BA. ²Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz, Rodovia Ilhéus-Itabuna, km 16, CEP 45.650-000, Ilhéus, BA. E-mail: alfredo@cepec.gov.br

* Parte da Dissertação de Mestrado do primeiro autor. Universidade Estadual de Santa Cruz

O cacauzeiro (*Theobroma cacao* L.) é alvo de diversas doenças, sendo a podridão-parda (*Phytophthora* spp.) e a vassoura-de-bruxa (*Moniliophthora perniciosa*) as principais delas, no Brasil. Objetivou-se verificar se há polimorfismos moleculares entre os genitores de uma população segregante de 67 plantas e identificar marcadores moleculares potencialmente associados a genes de resistência à vassoura-de-bruxa e podridão-parda. O DNA genômico foi extraído dos clones SIC-864 e CCN-51 e de 10 plantas F₁ derivadas do cruzamento entre esses clones, sendo cinco resistentes e cinco suscetíveis a cada doença. Os bulks de DNA foram amplificados, via PCR, com 32 primers para locos microssatélites, de um total de 49 primers testados entre os genitores. O padrão de bandas obtido evidenciou que os polimorfismos encontrados entre os bulks podem estar associados a genes de resistência àquelas enfermidades. A população foi ampliada para 237 indivíduos e o DNA genômico de cada um deles extraído para amplificação com os 32 primers utilizados nos bulks. Adicionalmente, as plantas originais da progênie foram clonadas (3 clones/planta original) e plantadas num outro ensaio. Os resultados obtidos criam perspectivas para a construção de um mapa genético de ligação, com base em marcadores microssatélites, visando identificar novos genes de resistência à vassoura-de-bruxa e à podridão-parda.

Palavras-chave: *Moniliophthora perniciosa*, *Phytophthora* sp., marcadores moleculares, bulked segregant analysis, resistência a doenças.

Identification of microsatellite markers potentially linked to witches' broom and *Phytophthora* pod rot resistance genes. The cacao tree (*Theobroma cacao* L.) is attacked by several diseases, being the *Phytophthora* pod rot (*Phytophthora* sp.) and the witches' broom (*Moniliophthora perniciosa*) the most important of them in Brazil. The objective of this work to verify if there is molecular polymorphism between the parents of a segregant population of 67 plants and to identify molecular markers potentially associated to genes of resistance to witches' broom and *Phytophthora* pod rot. Genomic DNA was extracted from the clones SIC-864 and CCN-51 and of 10 F₁ plants derived from the cross between these clones, being five resistant and five susceptible to each disease. The bulks of DNA were amplified, through PCR, with 32 primers for microsatellite loci, totaling 49 primers tested between the parents. The band pattern obtained evidenced that the polymorphisms found between the bulks can be linked to resistance genes to those diseases. The population was enlarged to 237 individuals and genomic DNA of each one of them was extracted for amplification with the 32 primers used in the bulks. Additionally, the original trees of the progeny were cloned (3 cloned plants/original tree) and planted in another trial. The results obtained create perspectives for the construction of a saturated linkage genetic map, based on microsatellite markers, aiming to identify new resistance genes to witches' broom and black pod rot.

Key words: *Moniliophthora perniciosa*, *Theobroma cacao*, molecular markers, bulked segregant analysis; disease resistance.