



Triagem de marcadores microssatélite para avaliação de variabilidade genética em linhagens de mamoeiro

Alex Souza Rodrigues, Helaine Christine Cancela Ramos, Daniel Pereira Miranda, Adriana Azevedo Vimercati Pirovani, Rafaela Pereira Duarte, Messias Gonzaga Pereira

O mamoeiro é uma das principais fruteiras do Brasil e podemos destacar o programa de melhoramento genético de mamoeiro da UENF pela grande contribuição na disponibilização de cultivares no mercado. Neste estudo realizamos uma triagem de marcadores microssatélites para verificar a existência de variabilidade genética nas linhagens JS-12, Sunrise Solo 72-12 e SEKATI, genitoras dos híbridos 'UENF-Caliman 01' mais conhecido como Calimosa e 'UC-10'. Essa análise se faz necessária tendo em vista a manifestação de variações fenotípicas intra-genotípicas pelas linhagens genitoras. Para tal, foram coletados e extraído o material genômico de 400 plantas, sendo 200 do genótipo JS-12, 100 do Sunrise Solo 72-12 e 100 do SEKATI. Buscando a otimização do trabalho, a triagem dos microssatélites foi realizada por meio de *bulks* (*Bulked Segregant Analysis*) composta por 10 plantas totalizando 40 *bulks*, a fim de identificar os marcadores microssatélites polimórficos. As amplificações foram realizadas no termociclador Gradiente da marca EPPENDORF, de acordo com o seguinte programa: 94°C por 5 min + 35 ciclos de 94°C por 1 min, entre 55 a 63°C por 1 min, 72°C por 3 min + 72°C por 7 min. Os produtos das amplificações foram separados via eletroforese em gel de agarose Metaphor 4% e as imagens capturadas com o fotodocumentador MiniBis Pro. Ao todo, foram analisados 54 marcadores microssatélites, dos quais 20 evidenciaram variação alélica entre as linhagens e 4 (P6K128CC, P3K2032S3, P3K7344CC e P3K2530CC) foram selecionados por apresentarem variação alélica intra-genotípica. O número de alelos por loco observado foi de um ou dois, o que é esperado tendo em vista a natureza genética dos materiais genéticos analisados. Para verificar a variabilidade genética nas linhagens, cada material genético que compõem o *bulk* será analisado individualmente, visto que a análise em *bulk* não permite a identificação genotípica de cada planta para os locos em heterozigose, ou seja, para os locos não fixados na linhagem. Já a otimização através dos *bulks* se mostrou eficiente na detecção de marcadores microssatélites polimórficos e propiciou um estudo menos oneroso. Já para a próxima etapa deste estudo espera-se obter informações suficientes para selecionar plantas com maior índice de fixação alélica para o avanço de geração das linhagens.

Palavras-chave: Variação intra-genotípica; *Bulks*; Índice de fixação alélica.