XXXI Seminário de INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFERSA

Núcleo de Avaliação: Núcleo I
Área temática: Ciências Agrárias.
Área do Conhecimento: Genética Vegetal.

Identificação de marcadores de DNA ISSR polimórficos em genitores de população de mapeamento genético em meloeiro.

Ruanna Fabbia Ferreira Gomes, Willianny Karem de Sousa, Glauber Henrique de Sousa Nunes, Ioná Santos Araújo Holanda

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma das principais frutas produzidas no Brasil, com destaque para o Nordeste, especialmente o Rio Grande do Norte, responsável por grande parte da produção nacional e exportação desse fruto. A importância do agronegócio do meloeiro está agregada ao seu impacto social e econômico. Entretanto, doenças radiculares, como a podridão do colo e o declínio das ramas causados por *Macrophomina phaseolina*, comprometem a sustentabilidade da cultura. Nesse contexto, o melhoramento genético visando resistência é estratégico, mas enfrenta limitações devido às interações genótipo × ambiente. Assim, o uso de ferramentas biotecnológicas, como marcadores ISSR (Inter Simple Sequence Repeat), torna-se fundamental para a caracterização genética, seleção de parentais resistentes e aplicação em populações de meloeiro. Este trabalho de natureza exploratoria tem como objetivo selecionar marcadores ISSR com padrões de amplificação consistentes e potencial polimórfico entre genitores contrastantes, visando a futura aplicação em analises genomicas em uma população de meloeiro. Foram analisadas folhas jovens provenientes do híbrido F1.1 e dois indivíduos contrastantes da população F2, esses materiais vegetais derivam de um cruzamento previamente estabelecido entre o acesso de meloeiro C14, caracterizado por sua resistência, e o híbrido comercial Goldex, reconhecido por sua suscetibilidade. A extração de DNA ocorreu pelo método CTAB proposto por Doyle e Doyle (1987), com posterior visualização e quantificação do material genético obtido por eletroforese em gel de agarose a 1% a 120V corado com brometo de etídeo (10 mg/mL) e registro em fotodocumentador. O DNA dos individuos foram diluidos para concentração de 10 ng/µl, seguido da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) com 28 primers ISSR comerciais (Gbt oligo) durante 35 ciclos com MIX composto por 30 ng de DNA molde, 0,33 µM primer, 1x Taq-Buffer MgCl2, 0,16 mM dNTP, 1U/µl Taq DNA-polimerase, 0,208 mg/mL BSA e água-ultrapura q.s.p. As amplificações ocorreram no termociclador automatico e a separação dos fragmentos em gel de agarose a 3% e fotodocumentados sob a presença de luz UV. Todos os primers testados apresentaram amplificação, sendo que dez deles (UBC-808, UBC-823, UBC-826, UBC-836, UBC-842, UBC-847, UBC-850, UBC-856, UBC-857 e UBC-889) exibiram a presença de polimorfismo. Os resultados obtidos na etapa de triagem estabelecida neste trabalho permitiram identificar padrões de amplificação por meio de uma análise qualitativa. Esses achados fornecem base para investigações futuras voltadas a estudos genômicos e a programas de melhoramento genético do meloeiro. Estudos que compõem etapas subsequentes, poderão realizar a quantificação dos polimorfismos resultantes da aplicação dos primers selecionados neste trabalho, os quais serão empregados em análises de

população de forma abrangente.

Palavras-chave: Melhoramento genético, Meloeiro, Marcadores Moleculares, Polimorfismo.

Agência financiadora: PIVIC.

Campus: Mossoró.