

Identificação de genótipos com alto nível de homozigosidade visando à obtenção de linhagens de mamoeiro por seleção assistida por marcadores microssatélites

Gilmara Alvarenga Fachardo Oliveira¹; Eder Jorge de Oliveira²; Fabiana Moraes de Carvalho³; Aline dos Santos Silva⁴; Juliana Leles Costa¹; Jorge Luiz Loyola Dantas²

¹Estudante de Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, e-mail; ³Estudante de Biomedicina da Faculdade Maria Milza; ⁴Mestranda em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

INTRODUÇÃO

Atualmente apenas três cultivares de mamão, pertencentes aos grupos Solo e Formosa, ocupam a maior parte dos plantios comerciais no Brasil, prejudicando o desenvolvimento da cultura pela restrita variabilidade genética. Nos últimos anos, o uso de híbridos de mamoeiro vem ganhando espaço nas áreas de produção. Entretanto, a obtenção destes híbridos depende da existência de linhas puras, de forma a evitar segregações na geração F₁.

A obtenção de linhagens de mamoeiro pode chegar a 12 anos, considerando ciclo de dois anos e no mínimo seis gerações de autofecundação. Entretanto, este tempo pode ser abreviado com o uso de marcadores moleculares, principalmente com o uso da seleção assistida por marcadores. Dentre os diversos marcadores moleculares disponíveis, os microssatélites são especialmente importantes, pela alta reproduzibilidade, simplicidade e rapidez da técnica, pequena quantidade de DNA requerida, baixo custo de utilização, grande poder de resolução e principalmente a codominância.

Assim, o objetivo deste estudo foi identificar linhagens de mamoeiro com elevado grau de endogamia, previamente selecionadas por apresentarem alto potencial agronômico em relação a características produtivas e de qualidade de frutos, por seleção assistida por marcadores microssatélites.

METODOLOGIA

Utilizou-se o DNA de 83 plantas provenientes de populações segregantes (F_3) e de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mamão (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Foram analisados 27 locos de SSR. As reações de amplificação foram feitas em volume final de 15 μL , utilizando: 20 ng de DNA, tampão de PCR 1X, 1,5 mM de MgCl₂, 200 uM de dNTP, 0,3 uM de cada iniciador e 1,0U de Taq DNA Polymerase. As amplificações foram feitas de acordo com as especificações de cada iniciador.

Os produtos resultantes das reações foram separados em gel desnaturante de poliacrilamida 6 % ou em géis de agarose 1000 a 3 %, de acordo com a diferença alélica apresentada. O peso molecular dos locos polimórficos foi determinado por comparação com um padrão de peso molecular de 50 pb.

As estimativas de heterozigosidade observada (H_o), heterozigosidade esperada (H_e) e coeficiente de endogamia foram obtidas com o auxílio do programa PowerMarker.

RESULTADOS

Sete iniciadores foram monomórficos (CP17, CP31, CP34, CP36, CP44, CP57 e CP64). Para o restante dos locos foi observado polimorfismo. A heterozigosidade observada dos locos variou de 0,0 até 0,29 e a heterozigosidade esperada de 0,00 a 0,90.

A análise da heterozigosidade em nível de cada planta pode ser evidenciada pelo coeficiente de endogamia que (f) variou de 0,634 a 1. As linhagens L36, L40, L42, L44, L45, L54, L58, L68, L73, L86 e L87, apresentaram coeficiente de endogamia igual a 1,00. Outras 18 linhagens apresentaram coeficientes de endogamia variando de 0,953 a 0,961. A linhagem L62 foi a mais heterozigótica, com $f = 0,634$.

As 11 linhagens com $f = 1,00$ estão prontamente disponíveis para a produção de novos híbridos de mamão, enquanto as 18 linhagens com f variando de 0,953 a 0,961 serão levadas a campo para observação da presença de segregação fenotípica na progênie. Não havendo segregação,

estas também farão parte do banco de linhagens, com uso futuro na obtenção de cruzamentos em esquema de dialelos.

CONCLUSÃO

Foram identificadas novas linhagens com alto nível de endogamia e ampla diversidade genética entre as linhagens de mamoeiro, mediante uso de seleção assistida por marcadores microssatélites. Os programas de melhoramento genético da cultura podem, assim, reduzir significativamente o tempo para obtenção de novas linhagens e híbridos com o uso desta técnica.

Palavras chave: SSR, *Carica papaya* L., marcadores moleculares.