



XXX Seminário de

INICIAÇÃO CIENTÍFICA

DA UFRSA

09 a 12 de dezembro de 2024

Núcleo de Avaliação: Núcleo I

Área temática: Ciências biológicas

Área do Conhecimento: Genética

Triagem de marcadores de DNA microssatélites polimórficos visando estudos de mapeamento genético do meloeiro

Eva Samara Pinto Cunha , Willianny Karem de Sousa, Izadora Cristina Romão Pitombeira, Ruanna Fabbia Ferreira Gomes e Ioná Santos Araújo Holanda

Nas regiões produtoras de meloeiro (*Cucumis melo* L.) no Nordeste do Brasil, a podridão radicular e o declínio das ramas têm causado prejuízos e limitado o rendimento devido a ação de fungos habitantes de solo, o que também tem se tornado preocupante em influenciar o cultivo sustentável da cultura do melão na região. Grupos de pesquisa em melhoramento genético da UFRSA selecionaram parentais contrastantes para a característica de resistência ao fungo *Macrophomina phaseolina*, porém a seleção tradicional sob efeito das amplas interações genótipo-ambiente se torna difícil. Uma forma de facilitar a seleção é a identificação de marcadores moleculares ligados à característica de interesse, por meio do mapeamento genético de marcadores em população F₂, originária de parentais contrastantes para a característica. Marcadores microssatélites ou SSR (*Simple Sequence Repeats*) têm sido amplamente utilizados como uma eficiente ferramenta para a construção de mapas genéticos. Dessa forma, o objetivo desse estudo foi avaliar o polimorfismo de primers SSR entre os parentais selecionados e híbridos. Sendo estes dez híbridos (F1.1, F1.2, F1.3, F1.4, F1.5, F1.6, F1.7, F1.8, F1.9 e F1.10) oriundos do cruzamento de dois parentais, o acesso de meloeiro C14 e o Híbrido Comercial Goldex, genitores com níveis de resistência e susceptibilidade ao fungo supracitado, respectivamente. Os primers SSR foram amplificados por meio de reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) e a separação dos fragmentos foi realizada por eletroforese em gel de agarose a 3%. Foram testados 81 primers SSR, desenvolvidos para *Cucumis melo*, para os genótipos utilizados. como resultado, dos 81 primers testados, 40 apresentaram polimorfismo, 28 não apresentaram diferenças entre os acessos e 13 não amplificaram, representando 49,4%, 34,5% e 16,1% dos primers testados, respectivamente.

Palavras-chave: SSR; *Cucumis melo*; genotipagem.

Agência financiadora: PIVIC/CNPq.

Campus: Mossoró