

ANÁLISES DE POLIMORFISMO DOS GENES MADS-BOX POTENCIALMENTE ENVOLVIDOS NA REVERSÃO SEXUAL EM GENÓTIPOS DE MAMOEIRO.

Milene de Figueiredo¹; Telma Nair Santana Pereira²; Gonçalo Apolinário de Souza
Filho³; Messias Gonzaga Pereira²

¹ Doutoranda do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. Bolsista FAPERJ – email: milenedefigueiredo@gmail.com. ² Professor do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal – CCTA-UENF. Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. ³ Professor do Laboratório de Biotecnologia – CBB-UENF. Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil.

O mamoeiro é uma espécie considerada trióica, ou seja, pode apresentar plantas com flores masculina, femininas e hermafroditas. No Brasil, como em outros países tropicais, as variedades ginóica-andromonóicas, constituídas por plantas femininas e hermafroditas, são as preferidas para cultivo. Dentre os principais pontos críticos no cultivo de plantas hermafroditas, tem-se o problema relacionado com a instabilidade sexual, que sob condições de estresses abióticos, principalmente temperaturas elevadas, os órgãos femininos das flores hermafroditas não desenvolvem. Este mecanismo de repressão seletiva dos órgãos florais ainda é pouco entendido em espécies trióicas como o mamoeiro. Os recentes avanços das tecnologias de genotipagem em larga escala têm permitido a aplicação de técnicas moleculares para estudos de características de interesse do melhoramento genético de plantas. O presente trabalho teve como objetivo identificar polimorfismos de sete genes candidatos pertencentes à família MADS Box potencialmente envolvidos no desenvolvimento floral nos genótipos de mamoeiro conservados no banco de germoplasma. Nesse estudo foram utilizados 21 genótipos de mamoeiro, sendo 12 genótipos do grupo Formosa incluído os híbridos Tainung 1 e o UENF/Caliman 01 e 9 genótipos do grupo Solo. O DNA genômico do mamoeiro foi extraído a partir de folhas jovens utilizando o kit comercial DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen). As concentrações do DNA extraído foram conferidas pelo espectrofotômetro NanoDrop® 2000c (Thermo Scientific) com leitura de absorbâncias no comprimento de onda na faixa de 260-280nm e a qualidade do DNA das amostras foi avaliada por gel de agarose (1%). Os sete genes, AP3-1, AP3-2, PI, SVP, FUL, SEP-1 e SEP-2, da família MADS box, foram amplificados empregando-se *primers* específicos construídos utilizando a ferramenta *PRIMER3*. Para aumentar a eficiência da PCR os iniciadores foram avaliados utilizando o programa *NetPrimer* (Premier Biosoft International) evitando assim a formação de *hairpin*, dímeros, dímeros cruzados, sequências palindrômicas, repetições e runs de um nucleotídeo. A identificação de polimorfismos nos sete genes candidatos entre os 21 genótipos testados foi feita utilizando gel *MetaPhor* Agarose 2%. Na análise de pureza do DNA extraído, verificada pela relação A_{260}/A_{280} constatou-se que foram obtidas amostras de boa qualidade, não inviabilizando assim a obtenção de padrões nítidos e reprodutíveis de produtos de amplificação via PCR. A PCR resultou na amplificação de um único fragmento com tamanho variando entre 850pb a 1100pb dependendo do iniciador utilizado. Dos sete genes analisados, três apresentaram polimorfismos com diferenças no tamanho das bandas. Esses genes que apresentaram polimorfismo, PI, AP3-1 e SVP, foram sequenciados em triplicata na ACTgene® e estão em fase de avaliação utilizando ferramentas da bioinformática.

Palavras Chaves: *Carica papaya*; sequenciamento; estresse abiótico. Apoio: FAPERJ