

22^o Encontro de
Iniciação Científica
da UENF14^o Circuito de
Iniciação Científica
do IFFluminense10^a Jornada de
Iniciação Científica
da UFF

IX

Congresso
Fluminense de
Iniciação Científica e
Tecnológica

II

Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação17^a Mostra de
Pós-Graduação
da UENF2^a Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense2^a Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

Ciência, tecnologia e inovação no Brasil: desafios e transformações

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICO-MOLECULAR DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE *Psidium* spp. RESISTENTES AO *Meloidogyne enterolobii* VIA LOCOS MICROSSATÉLITES

Raiane Mariani Santos, Alexandre Pio Viana, Eileen Santos Azevedo, Fernando Henrique de Barros Walter

A goiabeira vem sendo afetada por uma doença causada pelo nematoide *M. enterolobii* e o *Fusarium solani*, essa doença em associação é conhecida como declínio da goiabeira. Nesse contexto, os marcadores microssatélites foram usados para caracterização molecular e estudo da diversidade populações interespecíficas de *Psidium* resistentes ao *M. enterolobii*, visando a seleção entre e dentro dessas populações, identificando genótipo resistente mais próximos de *P. guajava* para dar início a um programa de retrocruzamento. Foram avaliados 94 indivíduos oriundos de cinco populações segregantes resistentes ao nematoide *M. enterolobii*, e seus respectivos genitores. A extração do DNA foi realizada pelo método CTAB. Foram utilizados 33 iniciadores microssatélites polimórficos. Os fragmentos amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose *Metaphor* 4% para visualização dos resultados. A partir da matriz das informações moleculares dos marcadores SSR foram estimadas as distâncias genéticas entre as populações, constituindo-se a matriz de dissimilaridade pelo índice de Nei. O agrupamento dos genótipos foi por meio do método hierárquico UPGMA. Foram estimados os parâmetros: conteúdo de informação polimórfica (PIC), número de alelos (Na), heterozigosidade observada (Ho), heterozigosidade esperada (He), coeficiente de endogamia (*f*) e estatísticas *F* de Wright, à estruturação genética, foi com o uso do software STRUCTURE. Observou-se que o Na variou de 1,606 a 2,091, com uma média total entre as populações de 1,867 alelos. Para o parâmetro Ho os valores variaram de 0,213 a 0,422, com média total de 0,289. Já He, *f* e o PIC a população 4 foi a que apresentou os menores valores 0,143, -0,030 e 0,112 enquanto que a população 2 apresentou o maiores valores 0,269, 0,272 e 0,227 respectivamente. A análise da estrutura genética com abordagem bayesiana mostrou que K= 3 foi o número ideal de grupos genéticos, ou seja, o K que melhor ajustou por apresentar o maior valor de ΔK (176,90), concordando com o número de grupos observados no dendograma baseado na distância de Nei. Os marcadores SSR foram eficientes na estruturação das populações e na escolha do híbrido mais próximo ao genitor recorrente, auxiliando nas novas etapas do programa de melhoramento genético da goiaba na Uenf.

Palavras-chave: Cruzamentos interespecíficos, Declínio da goiabeira, Marcadores de DNA

Instituição de fomento: UENF e Capes.