



Identificação de genes candidatos e desenvolvimento de SNAPs associados a características de qualidade de fruto em mamoeiro

Dieimes Bohry, Helaine Christine Cancela Ramos, Adriana Azevedo Vimercati Pirovani, Rafaela Pereira Duarte, Pedro Henrique Araújo Diniz Santos, Thiago Motta Venâncio, Messias Gonzaga Pereira

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma das fruteiras mais cultivadas nas regiões tropicais e subtropicais do mundo. As características teor de sólidos solúveis (TSS), firmeza de polpa (FI) e firmeza de fruto (FE) são de grande importância aos programas de melhoramento do mamão, no entanto, possuem herança poligênica, tornando a identificação de genótipos superiores trabalhosa e com baixa acurácia. Este trabalho teve o objetivo de identificar genes candidatos (GC) e desenvolver SNAPs (*Single Nucleotide Amplified Polymorphism*) associados a TSS, FI e FE em mamoeiro. A realização deste trabalho baseou-se em uma análise de QTLs realizada pela equipe de melhoramento da UENF, obtida a partir de um mapa genético saturado com marcadores SNPs. Os GC foram identificados pelo Phytozome, com posterior análise de BLASTP pela base de dados do NCBI. Considerou-se GC aqueles que apresentaram homologia e cobertura da query mínima de 75%. Para o desenho dos SNAPs foi utilizado o programa PRIMER1. Os SNAPs foram analisados no programa NetPrimer. As características TSS, FI e FE apresentaram 16, 15 e 14 QTLs, respectivamente. Para a característica TSS os QTLs explicaram 72.4% da variação fenotípica observada (%Var) e foram identificados 16 GC, dos quais 6 possuem grande efeito na expressão dessa característica. Considerando as características FI e FE, os QTLs explicaram 84.68% e 63.0% da %Var, respectivamente. Foram identificados 12 GC, sendo 5 de grande efeito para FI e 16 GC, sendo 6 de grande efeito para FE. Não foram identificados GC em 6 QTLs, podendo ser atribuído ao baixo efeito de cada QTL individual (<5% Var) ou pela restrição no tamanho da região em que buscou-se genes. Foram desenvolvidos SNAPs de alta qualidade para 41 QTLs. O desenvolvimento de marcadores moleculares específicos se torna uma poderosa ferramenta para selecionar indivíduos superiores que contemplem as formas alélicas favoráveis em relação a esses GC. Assim, a próxima etapa deste trabalho será a validação dos marcadores SNAP para implementação da seleção assistida por marcadores nos programas de melhoramento do mamoeiro. Os GC devem ser estudados mais detalhadamente, especialmente aqueles com efeito principal na expressão das características TSS, FI e FE, pelo uso da técnica de clonagem posicional.

Palavras-chave: *Carica papaya* L., SNAP, SAM.
Instituição de fomento: FAPERJ