

pe-ok

17-064 ESTIMATIVA DA TAXA DE CRUZAMENTO DE UMA POPULAÇÃO BASE DE MELANCIA (*Citrullus lanatus*), POR MEIO DE MARCADOR MOLECULAR DOMINANTE (RAPD). FERREIRA, M.A.J. da F.¹; VIEIRA, M.L.C.¹; QUEIRÓZ, M.A. de²; VENCOVSKY, R.¹. ¹Departamento de Genética-ESALQ/USP, CP 83 Piracicaba-SP 13400-970; ²Embrapa Semi-Árido, CP 23 Petrolina-PE 56300-000. e-mail: majfferr@carpa.ciagri.usp.br ou majfferr@yahoo.com

O sistema reprodutivo de uma espécie é influenciado por diversos fatores, entre eles, pode-se citar a expressão sexual. A melancia apresenta dois tipos de expressão sexual: andromocismo (plantas com flores hermafroditas e masculinas separadas) e monoicismo (plantas com flores femininas e masculinas separadas); sendo controladas geneticamente de modo

que a primeira é recessiva em relação à segunda. Foi constatado que plantas andromonóicas se autofecundam naturalmente, o que pode modificar o sistema reprodutivo, uma vez que pode ocorrer diminuição na taxa de cruzamento natural, em decorrência da elevação da taxa de autofecundação natural, levando a um sistema misto de reprodução. Desta forma, este trabalho teve como objetivo estimar a taxa de cruzamento natural em uma população base originada pelo intercruzamento entre a população P14 (andromonóica) e Crimson Sweet (monóica), via marcador molecular dominante (RAPD). Os dados moleculares foram obtidos mediante a fenotipagem de 12 famílias maternas, compostas cada uma por 23 indivíduos e suas respectivas plantas-mãe. Foram empregados os “primers” B02, B14, C04 e C16, os quais forneceram 10 locos polimórficos. A taxa de cruzamento natural foi estimada considerando-se o modelo de sistema misto de reprodução (“mixed mating model”), por meio do “software” MLDT (“Multilocus Estimation of Outcrossing with Dominant Markers”), que emprega um algoritmo obtido pelo método de Newton-Raphson. Foram estimadas: as taxas de cruzamento baseadas em múltiplos locos (t_m “multilocus”) e para cada loco (t_s “single locus”); o coeficiente de endogamia de Wright (F); os prováveis genótipos maternos, os quais foram comparados com o fenótipo molecular das plantas-mãe. A estimativa de t_m foi de 0,775 e de t_s 0,741, indicando a ocorrência de uma pequena taxa de autofecundação natural, sendo que o F foi de 0,137. As estimativas de t_m foram relativamente constantes de família para família. A discordância entre os genótipos maternos inferidos e os fenótipos moleculares maternos foi de 26,6%, demonstrando que a metodologia utilizada é eficiente na inferência de genótipos maternos. APOIO: CAPES, ESALQ, EMBRAPA SEMI-ÁRIDO, BANCO DO NORDESTE