



PAOLA ALVARES BIANCHI

**Programa de Pós-Graduação
em Genética e Melhoramento
de Plantas**

CONTATO:

E-mail: paolaalvaresb@gmail.com
Tel: (28) 99919-3811
Lattes:
<http://lattes.cnpq.br/0873709524565931>

EMAIL:

paolaalvaresb@gmail.com

Paola Alvares Bianchi

Edital recém-doutor UENF

Edital: Nº01/2021

Agência de fomento: ProPPG - UENF

Colaborador da(s) disciplina(s): Disciplina de graduação:

Melhoramento de Plantas

Disciplina de Pós-graduação: Advanced Genetics And Plant Breeding (AGPB) e Tecnologia do DNA recombinante (TDR)

Análise da expressão de genes candidatos para qualidade de fruto em mamoeiro (Carica papaya L.)

O rápido processo de amadurecimento dos frutos de mamão e as grandes perdas no período pós-colheita têm tornado cada vez mais importante o desenvolvimento de estratégias que auxiliem os programas de melhoramento na obtenção de genótipos superiores, como frutos que apresentem maior firmeza e teor de sólidos solúveis, reduzindo as perdas pós-colheita e aumentando o tempo de prateleira dos frutos. Diante disso, o presente trabalho tem como objetivos: i) selecionar potenciais genes envolvidos na expressão das características relacionadas à qualidade de fruto em mamoeiro; ii) normalizar os genes selecionados; e iii) realizar análise funcional da expressão dos genes selecionados. Serão utilizadas duas linhagens elite de mamão: Sekati e JS-12; e o híbrido oriundo desse cruzamento: UC 10. O RNA total será extraído da polpa do fruto e as amostras de RNA extraídas serão sintetizadas em fitas de cDNA, utilizando-se kits específicos para cada etapa. Dez genes potencialmente relacionados a expressão das características de qualidade do fruto serão selecionados e os primers serão desenhados com o auxílio do programa "Primer 3". Será realizada a otimização de genes normalizadores e, por fim, a análise funcional da expressão gênica via qRT-PCR, em um ensaio baseado em SYBR Green. A identificação de genes relacionados à qualidade do fruto e a disponibilidade desse tipo de informação genômica possibilitará o desenvolvimento de ferramentas que auxiliem no processo de seleção assistida por marcadores moleculares em mamoeiro.

Analysis of the expression of candidate genes for fruit quality in papaya (Carica papaya L.)

The rapid ripening process of papaya fruits and the great losses in the post-harvest period has made increasingly important to develop strategies that help breeding programs to obtain superior genotypes, such as fruits with greater firmness and soluble solids content, reducing post-harvest losses and increasing fruit shelf life. Therefore, the present work aims to: i) to select potential genes involved in the expression of characteristics related to fruit quality in papaya; ii) to normalize the selected genes; and iii) to perform functional analysis of selected genes expression. Two elite papaya strains will be used: Sekati and JS-12; and the hybrid from this cross: UC 10. The total RNA will be extracted from the fruit pulp and the extracted RNA samples will be synthesized in cDNA strands, using specific kits for each step. Ten genes potentially related to the expression of fruit quality traits will be selected and the primers will be designed with the aid of the "Primer 3" program. Ten genes potentially related to the expression of fruit quality traits will be selected and the primers will be designed with the aid of the "Primer 3" program. The optimization of normalizing genes and the functional analysis of gene expression will be performed via qRT-PCR, in an assay based on SYBR Green. The identification of genes related to the fruit quality and the availability of this type of genomic information will enable the development of tools that help in the selection assisted by molecular markers in papaya.