



DIVERSIDADE GENÉTICA DE PORTA-ENXERTOS CÍTRICOS BASEADA EM MARCADORES MOLECULARES ISSR

BARBOSA, A.C.O.¹; SANTOS, D.B.¹; OLIVEIRA, P.H.G.A.¹; CORDEIRO, Z.J.M.²; FERREIRA, C.F.²;

¹(UFRB/Cruz das Almas-BA, aina-cob2@hotmail.com, dalmabsantos@gmail.com, paulohenrique1520@hotmail.com;

²EMBRAPA-CNPMF/Cruz das Almas-BA, zilton.cordeiro@embrapa.br, claudia.ferreira@embrapa.br)

O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Citros pertencente à Embrapa Mandioca e Fruticultura, situado em Cruz das Almas - BA, contém 813 acessos, os quais compreendem diversas espécies e variedades de Citros e de gêneros afins, incluindo *Poncirus*, *Fortunella*, *Microcitrus* (Swingle), *Eremocitrus* (Swingle) e *Severinia* (Ten. ex Endl.). O objetivo inicial do referido programa de melhoramento genético foi gerar variedades, especialmente porta-enxertos (PEs), tolerantes à seca e resistente à gomose-de-*Phytophthora* e ao vírus-da-tristeza-dos-citros. Portanto, dada a base genética estreita dos PEs utilizados na citricultura brasileira, é de suma importância o estudo da variabilidade genética desses novos PEs por meio de marcadores moleculares para que essa informação sirva de base para o programa. O uso de marcadores moleculares tem tido cada vez mais empregado como uma ferramenta importante para o melhoramento genético de citros, sendo usados para construção de mapas de ligação; identificação de genótipos; distinção de híbridos e avaliação de coleções de germoplasma. A escolha do marcador molecular depende da distribuição dos mesmos no genoma do nível de polimorfismo e da reprodutibilidade. Portanto, o objetivo deste trabalho foi analisar diversidade genética de porta-enxertos de citros provenientes do BAG da EMBAPA Mandioca e Fruticultura por meio de marcadores ISSR. Foram avaliados 119 acessos para análise molecular por meio de marcadores ISSR (*Inter-Sequence Repeats*). Os iniciadores ISSR foram convertidos em dados binários e submetidos à análise de diversidade utilizando o coeficiente de similaridade de Jaccard e o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) de agrupamento. Dos 18 iniciadores analisados, 14 detectaram polimorfismos entre os acessos. O número de bandas variaram de 4 a 12 para os iniciadores TriCGC 3'RC, TriCAC3'RC e TriCAG3'RC, TriTGA 3'RC, respectivamente, produzindo um total de 90 bandas. Desse total 63,3 % apresentaram polimorfismo. Os valores de similaridade genética variaram de 0,13 a 0,82, sendo a menor distância entre os híbridos TSKFLxCTC13016 e HTR133 (0,13), e a maior entre os híbridos HTR 112 e HTR 116 (0,82). A correlação cofenética evidenciou associação de 79% entre as distâncias obtidas na matriz de similaridade e a matriz cofenética. O valor da correlação cofenética encontrado foi satisfatório, visto que valores superiores a 0,56 refletem boa concordância entre as matrizes. Desta forma, os marcadores ISSR foram eficientes na detecção de variabilidade genética entre os acessos de citros.

Palavras chave: variabilidade genética, *Citrus spp.*, melhoramento genético.