

Similaridade genética de acessos de pinha por meio de marcadores ISSR

Gisele Holanda de Sá¹; Giovana Sarah Sales Batista¹; Maria dos Remedios²; Paulo Sarmanho da Costa Lima³; Lucio Flavo Lopes Vasconcelos³; Sergio Emílio dos Santos Valente⁴

¹Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento - PPGM/UFPI, estagiária na Embrapa Meio-norte, ²Acadêmica de Farmácia/UNIFSA, bolsista PIBIC/CNPq na Embrapa Meio-Norte. ³Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br ⁴Docente da Universidade Federal do Piauí.

Annona squamosa, conhecida popularmente, como pinha é uma fruta bastante apreciada por seu sabor adocicado e pela riqueza de nutrientes como potássio, proteína e ferro. Além disso, a planta é rica em metabólitos secundários e propriedades medicinais. Este estudo teve por objetivo caracterizar e avaliar a diversidade genética entre 19 acessos de pinha, sendo 9 clones e 10 progênies, pertencentes ao BAG de Fruteiras Nativas da Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI, por meio de marcadores moleculares ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*). Os acessos são oriundos de coletas realizadas nos municípios de Timon, MA, Canto do Buriti, PI e Bom Jesus, PI. Foram selecionados 9 *primers* ISSR, que foram usados nas reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*). A partir do padrão de bandas gerado, construiu-se uma planilha binária, utilizada para o processamento e obtenção de dados referentes à similaridade dos acessos por meio do *software* estatístico R. A partir da matriz de distância gerada por meio do coeficiente de Jaccard, foi construído um dendrograma em que foi possível visualizar as relações de similaridade entre os acessos. O dendrograma apresentou índice de correlação cofenética ($r= 0,79$), indicando confiabilidade na associação da matriz de distância com o expresso pelo dendrograma. Por meio do dendrograma, observou-se a formação de três grupos distintos. O grupo 1 foi formado por apenas um único acesso (M1F2) e os outros dois grupos, compostos por indivíduos de todas as três populações. O grupo 2 mostrou-se constituído apenas por acessos propagados vegetativamente e o grupo 3, em sua maioria, por acessos propagados por sementes, exceto pela presença de um acesso propagado vegetativamente (G2). Os marcadores ISSR foram eficientes na estimação da similaridade genética entre os acessos de pinha pertencentes ao BAG de pinha, da Embrapa Meio-Norte. A partir dessa análise, observou-se que os acessos, em sua maioria, agruparam-se em decorrência de sua forma de propagação. Além disso, foi possível identificar a ocorrência de maior diversidade dentro das populações do que entre as populações.

Palavras-chave: *Annona squamosa*, banco de germoplasma, diversidade genética.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte, UFPI, CAPES.