



DIVERSIDADE DE GENÓTIPOS DE GERGELIM INDEISCENTES E SEMIDEISCENTES UTILIZANDO MARCADOR RAPD

Geisenilma Maria Gonçalves da Rocha¹; Eveline de Sousa Araújo¹; Fábila Suely Lima Pinto³;
Liziane Maria de Lima²; Nair Helena Castro Arriel².

¹Estagiária da Embrapa Algodão, graduanda do curso de Ciências Biológicas da UEPB – geisenilma@hotmail.com; ²Pesquisadora da Embrapa Algodão, doutora em Agronomia (Produção Vegetal) – nair@cnpa.embrapa.br; ³Técnica do Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Algodão.

RESUMO - O gergelim (*Sesamum indicum* L.) é uma cultura oleaginosa, adaptada às condições semiáridas de diversas partes do mundo, de alto potencial econômico, com possibilidades de exploração tanto no mercado nacional como internacional. Por ser um alimento de elevado valor nutricional e importante sob o aspecto de segurança alimentar, há um mercado crescente para exploração de seus grãos e óleo, que podem ser usados em vários produtos alimentícios, cosméticos, farmacêuticos e oleoquímicos e até para o segmento biodiesel. Estudos de caracterização da diversidade genética podem promover a identificação de genótipos desejáveis por suas características *per se* e/ou por meio de hibridação de características desejáveis, como indeiscência de cápsulas, tolerância a doenças e produtividade. Objetivou-se, com esse trabalho, avaliar o polimorfismo entre genótipos de gergelim, utilizando marcador molecular do tipo Random Amplification of Polymorphic em DNA (RAPD), a fim de estimar, preliminarmente, a diversidade genética de um grupo de genótipos de gergelim com características de frutos indeiscentes e semideiscentes. Para realização deste trabalho, nove genótipos de gergelim foram cultivados em casa de vegetação na sede da Embrapa Algodão. Amostras de tecidos foliares foram coletadas e procedeu-se a extração do DNA genômico de acordo com o protocolo CTAB, com modificações. A relação genética entre os nove genótipos de gergelim foi avaliada por meio de PCR, utilizando-se o iniciador de sequência (5' TCGGCGGTTTC 3') para análise da diversidade genética. As análises de diversidade foram feitas com base nas estimativas de distância genética de complemento aritmético do coeficiente de Jaccard e para representação dos grupos de genótipos utilizou-se o agrupamento de UPGMA a partir de 56 bandas polimórficas. O tamanho dos fragmentos amplificados variou de aproximadamente 750 a 2000 pares de base. Ao se adotar um percentual de corte de 40%, ocorreu a formação de quatro grupos divergentes. O iniciador RAPD foi eficiente para avaliar a diversidade genética entre os genótipos de gergelim, uma vez que separou a cultivar CNPA G4, que é deiscente, dos demais genótipos com características de frutos indeiscentes e semideiscentes.

Palavras-chave – *Sesamum indicum* L., marcador molecular, variabilidade genética.

Apoio – CNPq – bolsa de Iniciação Científica, Embrapa Algodão, Universidade Estadual da Paraíba (UEPB)