

SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS F₁ DE CAJUEIRO IDENTIFICADA COM A ADOÇÃO DE INICIADORES RAPD

Patricia do Nascimento Bordallo^{1*}; Maraisa Crestani Haverroth²; Luis Cláudio Pessoa Oliveira³

¹ Eng^a. agr^a., Pesquisadora da Embrapa Agroindústria Tropical, Laboratório de Biologia Molecular, Fortaleza-CE, Brasil. * Autor para correspondência: patricia.bordallo@embrapa.br.

² Eng^a. agr^a., Pesquisadora da Epagri – Estação Experimental de Caçador, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Caçador-SC, Brasil.

³ Aluno do Curso de Agronomia da Universidade Federal do Ceará, Fortaleza-CE, Brasil.

As populações alvo do melhoramento que deram origem aos clones comerciais de cajueiro se caracterizavam pela estreita base genética, o que pode ameaçar a obtenção de futuros ganhos genéticos via seleção, além de representar riscos de vulnerabilidade genética. Logo, a avaliação da distância genética entre genótipos elite, viabilizada pela identificação de polimorfismo via marcadores moleculares, pode gerar informações importantes para dar suporte à realização de cruzamentos dirigidos visando à ampliação dessa variabilidade. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a similaridade genética entre híbridos F₁ de cajueiro e respectivos genitores, a partir de marcas polimórficas geradas com o uso de iniciadores RAPD. Foram avaliados 10 híbridos F₁ de cajueiro originados de cada um dos cruzamentos: CCP76 x genótipo *Anacardium microcarpum*, CCP76 x BRS226, CCP76 x genótipo HAC276-1, CCP76 x Embrapa51, CCP76 x BRSBahia12, CCP76 x genótipo HAC222-4, e BRS226 x Embrapa51, e incluído na análise os respectivos genitores. As extrações de DNA foram realizadas utilizando o método CTAB, ajustado para *A. occidentale* L. Foram utilizados 21 iniciadores RAPD: OPA-02, OPA-07, OPA-08, OPA-09, OPB-10, OPB-20, OPC-20, OPD-02, OPD-20, OPE-07, OPF-12, OPF-15, OPG-02, OPN-05, OPN-06, OPS-11, UBC-305, UBC-308, UBC-318, UBC-322 e UBC-341. Após a eletroforese dos produtos amplificados, os géis foram fotodocumentados e avaliados, originando uma matriz binária. Foi construída a matriz de similaridade genética utilizando o Coeficiente de Jaccard, e construído o dendrograma com o método UPGMA, possibilitando a separação de grupos com base na similaridade média identificada. Foi realizada a AMOVA a fim de identificar a variância genética dentro e entre populações. A análise revelou 103 bandas polimórficas, equivalendo a ≈34,91% das bandas amplificadas. Com base na AMOVA verificou-se que 9,22% da variabilidade genética foi decorrente de diferenças genéticas entre populações, enquanto que 90,78% da variabilidade se deu dentro das populações. A similaridade entre os 77 genótipos de cajueiro esteve no intervalo de 0,29 a 0,82, e com base na similaridade média (sm=0,51) foram gerados 16 agrupamentos. Desses, 13 grupos foram constituídos por um único genótipo, destacando o genitor CCP 76; um grupo formado pelos genótipos CCP76xA.*microcarpum*_1 e CCP76xA.*microcarpum*_10; e, um grupo constituído pelos genótipos BRSBahia12, CCP76xA.*microcarpum*_3 e CCP76xHAC222-4_3. Os demais 59 genótipos constituíram um único agrupamento, no qual foram agrupados os genitores *A. microcarpum*, BRS226, HAC276-1, Embrapa51, e HAC222-4, e híbridos formados a partir dos sete cruzamentos considerados. Cruzamentos entre genótipos pertencentes a diferentes agrupamentos apresentam o potencial de ampliação da variabilidade genética, enquanto que cruzamentos entre indivíduos geneticamente mais semelhantes, caracterizados num mesmo agrupamento, são capazes de gerar progênes formadas por indivíduos geneticamente mais similares, o que pode favorecer a identificação e seleção de indivíduos transgressivos.

Os autores agradecem a Embrapa Agroindústria Tropical, CNPq e FUNCAP pelo apoio à pesquisa.

Palavras-Chave: *Anacardium* sp., Random Amplified Polymorphic DNA, Coeficiente de Jaccard, AMOVA.