

Validação de marcadores derivados de retrotransposons para a caracterização de acessos e híbridos de maracujazeiro

Tiago Marques da Silva¹; Onildo Nunes de Jesus²

¹Estudante de Licenciatura em Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: tmguitar1@hotmail.com, onildo.nunes@embrapa.br

Introdução – O maracujazeiro (*Passiflora* spp.) apresenta grande variabilidade genética, mas ainda são incipientes os trabalhos de caracterização de germoplasma para subsidiar o uso de novos acessos em programas de melhoramento genético. Dentre os métodos para a caracterização, destaca-se o uso de marcadores moleculares. Apesar da amplitude de marcadores, poucos têm mostrado polimorfismo intraespecífico. Os retrotransposons estão distribuídos em várias regiões no genoma de plantas, e ainda não há relatos do uso deste tipo de marcadores, derivados dessas regiões, no gênero *Passiflora*. **Objetivos** – O trabalho tem como objetivo validar marcadores moleculares de retrotransposons em *Passiflora* spp. para uso na caracterização de acessos e de híbridos de maracujazeiro. **Material e Métodos** – Foram utilizados dois tipos de marcadores baseados em retrotransposons, sendo três primers de IRAP (*Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism*) e 31 primers de iPBS (*Inter-Primer Binding Site*). Para validação utilizou-se seis acessos e para estudo de diversidade 37 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Maracujazeiro. Para extração de DNA foram coletadas folhas jovens e utilizou-se o protocolo Doyle & Doyle com modificações. Para sete primers iPBS calculou-se o número de marcas moleculares, e realizou-se um estudo da diversidade genética utilizando o índice de dissimilaridade de Jaccard e como método de agrupamento foi empregado o UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). As análises foram feitas utilizando o programa PAST e MEGA 6.0. **Resultados** – Dos marcadores IRAP testados todos apresentaram bandas visíveis, enquanto os marcadores iPBS oito não amplificaram, nove apresentaram bandas difusas e 14 bandas visíveis. Até o momento foram utilizados na genotipagem dos 37 acessos de maracujazeiro sete primers iPBS. Esses primers produziram 122 bandas (média de 17,42 bandas/primer) com destaque para o primer iPBS 2238 com 25 bandas, seguindo dos primers iPBS 2221 e iPBS 2237 com 20 bandas. O menor número de bandas (10) foi identificado com o primer iPBS 2239. A matriz de dissimilaridade apresentou uma média de 0,68 variando de 0,0 a 1,0. As maiores dissimilaridades foram observadas entre os acessos das diferentes espécies e a menor dentro da mesma espécie. O coeficiente de confiabilidade (CC) foi de 0,98 indicando confiabilidade da informação do dendrograma para representar a relação entre os diferentes acessos avaliados. A análise permitiu separar as diferentes espécies avaliadas em grupos distintos e, de maneira geral, mostrou variabilidade genética intraespecífica que é importante para a caracterização molecular visando diferir os acessos da mesma espécie. Uma exceção foi entre os acessos BGP160 e BGP161 de *P. ligularis* que não diferiram para os marcadores moleculares utilizados. **Conclusões** – Os marcadores moleculares testados parecem promissores para a caracterização da diversidade genética intra e interespecífica de *Passiflora*. Uma amostra maior com 88 acessos do BAG está sendo caracterizada com esses primers visando confirmar a utilidade desses marcadores na caracterização da diversidade.

Palavras-chave: *Passiflora* spp.; polimorfismo; intraespecífico; diferenciação.