

## CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE PROGÊNIES DE MARACUJAZEIRO AZEDO

<sup>1</sup>Angélica Vieira Souza Campos; <sup>1</sup>Ana Paula Gomes de Castro; <sup>2</sup>José Ricardo Peixoto; <sup>3</sup>Fábio Gelape Faleiro; <sup>2</sup>Márcio de Carvalho Pires; <sup>2</sup>Michelle Souza Vilela

<sup>1</sup>Doutorandas da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária (FAV/UnB). Brasília-DF. Email: [angelicavsc@gmail.com](mailto:angelicavsc@gmail.com) <sup>2</sup>Professores da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária (FAV) da Universidade de Brasília – UnB. Brasília-DF/ Brasil. <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Cerrados – Planaltina-GO/ Brasil

O Brasil é considerado um grande produtor de maracujá. No entanto, a produtividade da cultura do maracujá é considerada baixa, sendo que o cultivo de variedades inadequadas é um dos fatores que influenciam essa característica. Observa-se, nos últimos anos, que existe uma carência de materiais genéticos com alta produtividade, qualidade de frutos e resistência a doenças, em razão, principalmente, da falta de trabalhos de pesquisa nas diversas áreas do conhecimento e especialmente com melhoramento genético do maracujazeiro. Nesse sentido esse trabalho teve como objetivo caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 18 progênies de maracujazeiro azedo, desenvolvidas a partir de trabalhos de pesquisa realizados pela Universidade de Brasília – UnB e Embrapa Cerrados, utilizando marcadores moleculares RAPD. Foram utilizados 10 iniciadores decâmeros para a obtenção dos marcadores RAPD, que foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as dissimilaridades genéticas entre os diferentes acessos e realizadas análises de agrupamento. Foram obtidos 58 marcadores RAPD, dos quais 37 (63,80%) qualificados de polimórficos. As distâncias genéticas variaram de 0,040 a 0,354 entre as progênies. O iniciador OPF01 apresentou maior número de bandas polimórficas e também bandas monomórficas. Já o iniciador OPD04 foi aquele que deteve igual quantidade de bandas monomórficas e polimórficas. A análise dos gráficos de dispersão mostrou uma baixa tendência de agrupamento entre as progênies nas diferentes avaliações (produtividade e resistências à septoriose, antracnose, verrugose, bacteriose e virose). Isso demonstra que existe alta variabilidade genética entre as progênies estudadas.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis* f. *flavicarpa*, melhoramento, variabilidade genética.

Apoio financeiro: CNPq