

## Marcadores de retrotransposons para caracterização de *Passiflora* spp.

**Tiago Marques da Silva<sup>1</sup>, Onildo Nunes de Jesus<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, tmguitar1@hotmail.com; <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, onildo.nunes@embrapa.br

O maracujá apresenta grande variabilidade genética, mas ainda são incipientes os trabalhos de caracterização para 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 já disponíveis, poucos têm apresentado alto polimorfismo. Os retrotransposons (LTR) estão distribuídos em várias regiões no genoma de plantas, porém não há relato do uso de marcadores moleculares derivados desta região no gênero *Passiflora*. Assim, este trabalho teve como objetivo validar marcadores moleculares de retrotransposons em *Passiflora* spp.. Para extração de DNA utilizou-se folhas jovens conforme a metodologia de Doyle & Doyle e, após a quantificação do DNA, as amostras foram padronizadas na concentração final de 10 ng  $\mu\text{L}^{-1}$ . Para o estudo de diversidade genética foram selecionados 88 genótipos do Programa de Melhoramento do Maracujazeiro da Embrapa Mandioca e Fruticultura. A caracterização molecular foi realizada com 15 *primers* de iPBS (*Inter Primer Binding Site*). O produto da amplificação por PCR foi separado em gel de agarose 1,5% corado com brometo de etídio. Após a amplificação, os géis foram lidos atribuindo 1 (presença de banda) e 0 (para ausência de banda). Os parâmetros avaliados foram o número de bandas por *primer*, o Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) e a diversidade genética com base no índice de dissimilaridade de Jaccard e método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Com base nos 15 *primers* iPBS foram obtidos 95 marcas moleculares, com média de 6,33 bandas por *primers*. O maior número de bandas foi sete para os *primers* iPBS-2077, iPBS-2095, iPBS-2374, iPBS-2375, iPBS-2075, iPBS-2373 e iPBS-2078. Os *primers* iPBS-2393, iPBS-2077 e iPBS-2383 foram os que apresentaram maior capacidade discriminatória com base no PIC. A variabilidade genética, expressa pelos dados de matriz de dissimilaridade, variou de 0,03, para os acessos BGP016 x BGP268, a 0,94, para os acessos BGP417 x BGP346. O dendrograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA apresentou alta correlação cofenética ( $cc = 0,96$ ) e suporta as informações da dissimilaridade dos genótipos com base apenas na representação gráfica do dendrograma. O dendrograma permitiu separar os genótipos com base nas espécies avaliadas. De maneira geral, os marcadores moleculares iPBS mostraram promissores para a caracterização da diversidade genética intra e interespecífica de *Passiflora*.

**Significado e impacto do trabalho:** Os marcadores moleculares são ferramentas importantes na caracterização de plantas, pois são baseados no DNA e não sofrem a influência do ambiente. Assim, este trabalho testou marcadores de uma região específica do genoma de plantas, os retrotransposons para a caracterização de acessos. Com as informações geradas espera-se utilizar este tipo de marcador em teste de paternidade para proteção de cultivares e uso no melhoramento genético visando acelerar a obtenção de cultivares.