

Diversidade Genética de Genótipos de Maracujazeiro Azedo Selecionados no Distrito Federal

Taislene Butarello Rodrigues de Moraes¹; Angélica Vieira Sousa Campos¹; José Ricardo Peixoto¹; Fábio Gelape Faleiro²; Michelle Souza Vilela¹; Márcio de Carvalho Pires¹

¹Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: taislene@gmail.com; ²Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil

Os programas de melhoramento genético de maracujá-azedo visam desenvolver genótipos com alto desempenho agrônomo e tolerante as principais pragas e doenças. Métodos como seleção massal e seleção recorrente têm sido efetivamente empregados no melhoramento da cultura. Entretanto, o sucesso destes programas está em manter a variabilidade genética das populações e identificar e selecionar indivíduos potencialmente interessantes. Um dos meios de se detectar a variabilidade genética e, conseqüentemente, auxiliar os programas de melhoramento, tornando a seleção mais efetiva, é utilizando marcadores de DNA, como o RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a distância genética molecular entre 24 genótipos de maracujazeiro-azedo, previamente selecionados para as principais características agrônômicas: produtividade. ha⁻¹, número total de frutos.ha⁻¹, massa média total de frutos, classificação dos frutos quanto ao diâmetro equatorial em três categorias

(quantidade de frutos, produtividade e massa média em cada classificação) e resistência às principais doenças fúngicas causadas por *Septoria passiflorae*, *Cladosporium herbarum*, *Colletotrichum gloeosporioides*, bacteriana causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* e virótica causada por *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, no Distrito Federal, a fim de identificar as melhores combinações e manter a variabilidade genética dentro dos sucessivos ciclos de seleção recorrente do programa de melhoramento da UnB. Para tanto, foram utilizados oito iniciadores RAPD e os locos gerados foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram obtidas as estimativas de similaridade genética, empregando-se o coeficiente de similaridade de Nei e Li, utilizando-se o Programa Genes. Com base na matriz de similaridade foi realizado o agrupamento dos genótipos utilizando o método UPGMA. As amplificações do DNA dos 24 genótipos de maracujá-azedo permitiram a obtenção de 54 locos RAPD, dos quais 87,04% foram

polimórficos, evidenciando alta variabilidade genética entre os materiais, o que pode ser explicado devido a fatores como alogamia e ao sistema de autoincompatibilidade característicos da cultura. Os genótipos estudados foram subdivididos em pelo menos seis grupos, onde a maior dissimilaridade (0,451) foi observada entre os materiais ROSA INTENSO3 e AP01, sugerindo que quando cruzados expressem alta variabilidade genética. A amplitude da dissimilaridade genética observada entre os genótipos (0,043 a 0,451) caracteriza a expressiva diversidade existente entre eles, os quais podem ser considerados na continuidade dos ciclos de seleção e recombinação no programa de melhoramento da UnB.

Palavras-chave: *Passiflora edulis* Sims; melhoramento; variabilidade genética; RAPD.

Apoio: Embrapa Cerrados.

Agradecimentos: FUB; CNPq; CAPES.