



Seleção de primers ISSR para caracterização molecular de acessos de *Annona squamosa**

Gisele Holanda de Sá¹; Raiane de Sousa Oliveira²; Sérgio Emílio dos Santos Valente³; Angela Celis de Almeida Lopes⁴; Lucio Flavo Lopes Vasconcelos⁵; Paulo Sarmanho da Costa Lima⁵

¹Estudante de Mestrado em Genética e Melhoramento, PPGM/UFPI, estagiária da Embrapa Meio-Norte, giselehollanda2@gmail.com.. ²Estudante de Ciências Biológicas/UESPI, estagiária da Embrapa Meio-Norte. ³Professor Dr. Associado II CCN/UFPI. ⁴Professora Dr. Associado III CCA/UFPI. ⁵Pesquisador da Embrapa Meio-Norte ⁵Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulosarmanho@yahoo.com.br

Annona squamosa L., conhecida popularmente como pinha, fruta-do-conde ou ata, pertence à família Annonaceae e posiciona-se como uma das fruteiras de grande interesse econômico, sendo destaque entre as frutas exóticas cultivadas no Brasil. Bancos de germoplasma que contenham *Annona* spp. principalmente *Annona squamosa*, são escassos em todo o mundo, representando um fator limitante para exploração da variabilidade genética dessa espécie. Os marcadores moleculares são importantes ferramentas na identificação de variabilidade genética. Um exemplo são os marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*), que apresentam elevado grau de polimorfismo, boa repetibilidade, boa reprodutibilidade e baixo custo, proporcionando rápida discriminação entre indivíduos próximos, sendo, portanto, excelente ferramenta na caracterização da variabilidade genética da espécie. No presente estudo, o objetivo foi selecionar primers ISSR adequados a estudos genéticos de acessos de pinha que compõem o Banco Ativo de Germoplasma de Fruteiras da Embrapa Meio-Norte. Para extração do DNA, foram utilizadas amostras de folhas jovens de acessos de pinha, coletadas em Teresina, PI. A extração de DNA foi realizada por método baseado no princípio de membrana de afinidade. Ao todo, foram testados 18 primers e selecionados 7: UBC-836 (36), UBC-840 (21), UBC-842 (42), UBC-856 (20), UBC-889 (20), UBC-890 (35) e UBC-891 (22), baseando-se nos critérios de maior quantidade e resolução de bandas e grau de polimorfismo, os quais são os mais recomendáveis na caracterização da diversidade desses acessos de pinha.

Palavras-chave: Pinha, marcadores moleculares, primers ISSR.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte pelo apoio.