

VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE ACEROLEIRA (*Malpighia emarginata* Sessé & Moc. ex DC.) POR MEIO DE MARCADORES ISSR

Flávio de França Souza¹; Natoniel Franklin de Melo¹; Tiago Lima do Nascimento²;
Simone Sales Souza³; Mikaele de Souza Santos³; Raquel de Souza Silva^{4*}

¹Embrapa Semiárido. ²Facepe. ³CNPq. ⁴Universidade Federal do Vale do São Francisco.
*rakelslog@gmail.com

A introdução da aceroleira no Brasil ocorreu em poucos eventos e se deu a partir de um número reduzido de indivíduos, o que pode ter ocasionado deriva genética por meio do efeito fundador, restringindo a variabilidade da espécie, em território nacional. Desse modo, a caracterização do germoplasma disponível é importante para direcionar o manejo das coleções genéticas e a tomada de decisão nos programas de melhoramento. O presente trabalho objetivou estimar a diversidade genética das aceroleiras cultivadas no Brasil e conservadas no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semiárido. Atualmente, esse acervo possui 96 acessos mantidos *in situ*, no Campo Experimental de Bebedouro, em Petrolina, PE. As coletas para compor o BAG foram realizadas nos Estados de Pernambuco, Bahia, Ceará, Paraíba, Paraná e São Paulo, em pomares comerciais e em coleções de genéticas de outras instituições de ensino e pesquisa. Cada genótipo encontra-se representado por duas plantas, resultantes de enxertia, conduzidas no espaçamento de 4 m x 4 m, sob sistema de irrigação por gotejamento e manejadas segundo as especificações técnicas para a cultura. O DNA genômico foi extraído de folhas jovens pelo método Doyle & Doyle, amplificado utilizando-se 13 primers do tipo ISSR. Os dados foram analisados por meio do índice de coincidência de Jaccard, que produziu a matriz utilizada para o agrupamento dos acessos, pelo método UPGMA. A maior similaridade foi observada entre os acessos 'Flor Branca' e 'Junko' (0,024), enquanto 'Valéria' e 'Clone 47' (0,559) foram os acessos mais dissimilares. Observou-se a formação de dois grupos, sendo o primeiro, composto por 16 acessos, reunidos em dois subgrupos e o segundo, com 80 acessos, subdivididos em três agrupamentos. No caso dos acessos coletados em regiões cuja formação dos pomares se deu por meio de sementes, observou-se grande similaridade genética entre eles. Também foi observada similaridade, em nível molecular, entre clones oriundos do mesmo programa de melhoramento. Por outro lado, a divergência observada entre os grupos e subgrupos revelou haver variabilidade suficiente para ser explorada promovendo-se a recombinação entre acessos de grupos divergentes. Adicionalmente, o uso dos marcadores ISSR se mostrou como uma estratégia viável no estudo da diversidade genética em aceroleira, considerando o custo-benefício e a facilidade de aplicação.

Palavras-chaves: Marcadores moleculares; deriva genética, efeito fundador

Agradecimentos: Embrapa, CNPq, Universidade Federal do Vale do São Francisco e Facepe.

