

Estudo das regiões repetitivas do genoma e citogenética em acessos de aceroleira

Kananda Laira Gomes Marçal¹; Tiago Lima do Nascimento²; Simone Sales Souza³; Flávio de França Souza⁴; Nataniel Franklin de Melo⁵

Resumo

A aceroleira (*Malpighia emarginata* Sessé & Mociño ex DC.) é uma espécie frutífera originária da América Central e Norte da América do Sul. Seu cultivo vem crescendo e tem atraído interesse de produtores por ser uma planta de fácil estabelecimento em campo, bem como pela possibilidade de gerar subprodutos. No Brasil, sua introdução ocorreu em poucos eventos e em número muito reduzido de indivíduos, podendo essa condição ter causado o fenômeno da deriva genética por meio do efeito fundador. Dessa forma, o estudo da composição genética dos materiais disponíveis pode gerar informações cruciais na condução de um programa de melhoramento da espécie. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi investigar a composição de DNA repetitivo e possíveis alterações cromossômicas numéricas em acessos de aceroleira. O experimento está sendo conduzido no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Semiárido a partir de materiais do Banco Ativo de Germoplasma de Aceroleira da Embrapa Semiárido, em Petrolina, PE. Para análise genética, foram coletadas folhas jovens para a extração de DNA, além de raízes para análise citogenética, obtidas dos seguintes acessos: BRS Sertaneja, BRS Cabocla, BRS Rubra, Costa Rica, Flor Branca e Okinawa. As amplificações de DNA via PCR foram realizadas utilizando-se 11 marcadores microssatélites (SSR), cujos fragmentos foram separados em gel de agarose a 2%. Na análise citogenética, utilizaram-se raízes pré-tratadas com 8-hidroxiquinoleína e fixadas em solução Carnoy 3:1 (álcool etílico: ácido acético). Os resultados mostraram diferenças no padrão de bandas dos marcadores moleculares SSR entre os acessos. Foi confirmado o número cromossômico diploide $2n = 20$ para os acessos BRS Sertaneja, BRS Cabocla, Costa Rica, Flor Branca e Okinawa, e como triploide, o acesso BRS Rubra com $2n = 30$ cromossomos. Informações mais completas e detalhadas serão obtidas após a finalização das avaliações.

Palavras-chave: germoplasma, *Malpighia emarginata*, melhoramento genético, cromossomos.

Financiamento: Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia de Pernambuco (Facepe), Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf) e Embrapa.

¹Bióloga, mestranda em Produção Vegetal – Universidade Federal do Vale do São Francisco, (Univasf), bolsista Facepe, Petrolina, PE. ²Doutor em Recursos Genéticos Vegetais, bolsista Embrapa Semiárido/Facepe, Petrolina, PE. ³Bióloga, bolsista Embrapa Semiárido/CNPq, Petrolina, PE. ⁴Engenheiro-agrônomo, D.Sc. em Genética e Melhoramento Vegetal, pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, flavio.franca@embrapa.br. ⁵Biólogo, D.Sc. em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, nataniel.melo@embrapa.br.