

ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE PIMENTAS E PIMENTÕES (*Capsicum spp.*)

Lins, TCL^{1,2}; Lourenço, RT^{1,3}; Tavares, HMF^{1,4}; Reifschneider, FJB⁵; Buso, GSC¹; Ferreira, ME¹

1-Laboratório de Genética Vegetal, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF, 2-Universidade de Brasília, Instituto de Química, 3-Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 4-Universidade de Brasília, Instituto de Biologia, 5-Embrapa Hortaliças, Brasília-DF.

tuliocesar@ambr.com.br

Palavras-chave: *Capsicum*, marcador molecular RAPD.

Pimentas e pimentões (*Capsicum spp.*) representam importante segmento do mercado de hortaliças para tempero e consumo *in natura* no Brasil e no mundo. O cultivo brasileiro é extenso e demanda novas variedades mais produtivas, bem como pelo desenvolvimento de variedades com frutos com diferentes tamanhos, cores, sabores e pungências. O programa de melhoramento de *Capsicum* visa atender a essas demandas utilizando dados de variabilidade genética obtidos em estudos de caracterização morfológica, agrônômica, genética e molecular de acervos genéticos mantidos em bancos de germoplasma. Este trabalho teve como objetivo a caracterização molecular de variedades cultivadas de pimentas e pimentões conservadas no Banco de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Hortaliças. Padrões de amplificação de DNA de diferentes acessos foram analisados em vários locos distribuídos ao acaso por todo genoma de *Capsicum* através da técnica de RAPD ("Random Amplified Polymorphic DNA"). O germoplasma analisado incluiu 521 acessos de pimenta separados em quatro espécies cultivadas: *C. annuum* var *annuum* (354 acessos), *C. baccatum* var. *pendulum* (61 acessos), *C. frutescens* (23 acessos) e *C. chinense* (83 acessos). A amplificação ao acaso de fragmentos de DNA no genoma de cada acesso foi realizada através da reação de polimerase em cadeia (PCR) utilizando 21 oligonucleotídeos previamente selecionados pela alta capacidade multiplex. Centenas de fragmentos RAPD polimórficos foram gerados dos quais 89 foram selecionados para a análise. A construção de dendrograma possibilitou visualizar a estruturação do germoplasma em conjuntos de acessos agrupados de acordo com as quatro espécies estudadas. O grupo de *C. baccatum* var. *pendulum* foi o que mais se distanciou das outras espécies, com o coeficiente de similaridade médio (Jaccard) estimado em 0,34 e ampla variabilidade genética entre os acessos. Os acessos agrupados como *C. frutescens* apresentaram baixa similaridade genética média com os demais grupos (0,40). Entretanto a variabilidade genética dentro do grupo é extensa, com coeficientes de similaridade variando de 0,44 e 0,86. Os acessos de *C. chinense* também apresentaram grande variabilidade genética (0,46). O grupo de *C. annuum* var. *annuum*, espécie mais intensamente domesticada, apresentou formação de vários subgrupos revelando uma base genética estreita, a maioria com coeficiente acima de 0,70. A alta similaridade genética entre alguns acessos de *C. annuum* var. *annuum* sugere que fontes comuns de resistência ou de genes de interesse econômico foram utilizadas no desenvolvimento de variedades comerciais deste grupo provavelmente através de programas de retrocruzamento. A compilação de informações biológicas de cada acesso é fundamental para o direcionamento de cruzamentos em experimentos de seleção artificial. A disponibilidade destes dados facilita o uso adequado deste germoplasma em programas de conservação e de melhoramento genético para o desenvolvimento de genótipos de interesse do agronegócio brasileiro.

Apoio financeiro: Prodetab.