

## Marcadores moleculares como ferramenta para estruturação da diversidade genética em genótipos de maracujazeiro

Juliana Leles Costa<sup>1</sup>; Eder Jorge de Oliveira<sup>2</sup>; Onildo Nunes de Jesus<sup>3</sup>; Larissa Santos Oliveira<sup>1</sup>; Gilmar Alvarenga Fachardo Oliveira<sup>1</sup>; Cláudia Garcia Neves<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Estudante de Ciências Biológicas Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura; <sup>3</sup>Bolsista PNPd da CAPES/Embrapa Mandioca e Fruticultura; <sup>4</sup>Mestranda em Ciências Agrárias Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

### INTRODUÇÃO

A família Passifloraceae é composta por 630 espécies, dentre as quais a espécie *Passiflora edulis* Sims que tem grande importância comercial. Entretanto, há poucos estudos referentes à caracterização molecular na cultura do maracujazeiro com a finalidade de manejar e conservar os recursos genéticos.

Os marcadores moleculares do tipo ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) são ferramentas importantes na estruturação da diversidade gênica, uma vez que, esta metodologia permite explorar o polimorfismo presentes entre duas regiões repetidas de microssatélites e orientadas em direções opostas. Além disso, esta técnica também pode ser utilizada em estudos de *fingerprinting*, seleção assistida, filogenia e mapeamento genético. Nesse sentido, este trabalho teve como objetivo determinar a variabilidade genética presente em acessos do banco de germoplasma e em acessos melhorados do programa de melhoramento genético do maracujazeiro da Embrapa Mandioca e Fruticultura, com o uso de marcadores ISSR.

### METODOLOGIA

Foram utilizados 73 acessos de maracujá pertencente ao BAG-Maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Obteve-se um *pool* DNA de cada acesso (10 plantas). Vinte e três iniciadores foram utilizados neste estudo, com as seguintes condições de reação: 10 ng de DNA, tampão de PCR 1X, 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 200 µM de dNTP, 0,3 µM do iniciador, 1U da *Taq DNA Polimerase*. As amplificações foram realizadas no termociclador PTC-100 (MJ Research), de acordo com o seguinte programa: 94 °C por 5 min; 35 ciclos a 94 °C por 40s,

48 ou 45 °C por 40 s, 72 °C por 60 s; e extensão final a 72 °C por 5 min. Os resultados foram visualizados em gel de agarose 2 % e corados com brometo de etídeo.

A matriz de distância genética utilizando o coeficiente de dissimilaridade “Simple Matching” foi obtida pelo programa Genes. O agrupamento foi realizado *software* Mega 4.1, pelo método *neighbor joining*. O ajuste entre a matriz de distâncias e dendrograma foi verificado pelo coeficiente de correlação cofenética ( $r_c$ ).

## RESULTADOS

Os 23 marcadores ISSR geram 320 bandas polimórficas (média de 13,9) com o tamanho dos fragmentos variando entre 220 a 2300 pb. Vinte e dois iniciadores mostraram polimorfismo nos acessos analisadas, sendo que, o TriCAC5 CY foi o mais polimórfico com 21 bandas, enquanto que o TriGCC 3 RC não apresentou polimorfismo. Esse resultado revela a eficiência do marcador em detectar polimorfismos em maracujazeiro.

As 320 bandas polimórficas permitiram a obtenção do dendrograma, com correlação cofenética de 0,96. Este agrupamento separou os acessos em dois grandes grupos. Um constituído por acessos que compõem o banco de germoplasma e outro proveniente do programa de melhoramento (híbridos e progênies de meios irmãos). A dissimilaridade média estimada foi de 0,32 para os acessos que constituem o banco de germoplasma. Estes acessos foram agrupados em diferentes subgrupos, sendo que os acessos BGM 322 e o BRS GA foram os mais divergentes. Já os acessos oriundos do programa de melhoramento foram agrupados em dois subgrupos, um grupo de variabilidade menor (dissimilaridade média de 0,08) composto por híbridos da série HS. O outro grupo maior e mais heterogêneo composto por acessos de progênies de meios irmãos (dissimilaridade média de 0,13) vindo do primeiro ciclo de geração recorrente.

## CONCLUSÃO

Os marcadores ISSR mostrou-se uma ferramenta valiosa para estudo de diversidade genética dentro de *P.edulis*. A variabilidade presente nos acessos que compõe o BAG poderão ser utilizados para geração de novas populações

de melhoramento. A heterogeneidade presente na população de meios irmãos poderá ser de grande utilidade para seleção dos indivíduos que irão compor os novos ciclos de recombinação na seleção recorrente.

Palavras-chave: ISSR; *Passiflora edulis* Sims; Caracterização molecular