

MARCADORES MOLECULARES NA ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CAJUEIRO EM BANCO DE GERMOPLASMA, POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES

Frederico Inácio Costa de Oliveira¹, Francisco das Chagas Vidal Neto², José Jaime Vasconcelos Cavalcanti²

¹Universidade Federal do Ceará; ²Embrapa Agroindústria Tropical, CP 3761, CEP 60511-110, Fortaleza, CE, Brasil. E-mail: fred.inacio@hotmail.com

O cajueiro (*Anacardium occidentale*) pertence à família Anacardiaceae, a qual compreende cerca de 60 a 74 gêneros e 400 a 600 espécies de árvores e arbustos, principalmente tropicais e subtropicais, com poucos representantes de clima temperado. Entretanto, existem apenas sete clones comerciais de cajueiro-anão precoce e nenhum de cajueiro comum, todos com uma base genética excessivamente estreita, o que caracteriza claramente uma situação de vulnerabilidade genética. Para que futuros programas de melhoramento sejam bem sucedidos aos novos ambientes onde o cajueiro for testado, há necessidade de diversidade genética, quantificada e disponível aos melhoristas. Desse modo, o presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de identificar a variabilidade genética entre 55 acessos de cajueiro provenientes do BAG-Cerrado usando marcadores moleculares ISSR (Inter Simple Sequence Repeats). As amostras foram coletadas na Estação Experimental de Pacajus e analisadas no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Agroindústria Tropical, em Fortaleza, CE. As extrações de DNA foram realizadas de acordo com o protocolo pré-estabelecido para extração de DNA vegetal. Após a amplificação dos produtos por PCR e visualização das bandas nos géis de eletroforese, foram identificados os marcadores polimórficos, de acordo com a presença ou ausência das bandas. Por meio do uso do coeficiente de similaridade de Jaccard, foi gerada uma matriz de similaridade genética e, a partir dela, um dendograma de distâncias genéticas. Em um total de 88 bandas geradas a partir de oito iniciadores utilizados, foi possível identificar 75 fragmentos polimórficos, demonstrando alta variabilidade genética que poderá ser explorada em trabalhos de melhoramento com esses acessos de cajueiro, bem como eficiência dos marcadores moleculares ISSR na análise de divergência genética entre as progênies estudadas.

Palavras-chave: *Anacardium occidentale*, polimórfico, similaridade

Agradecimentos: CNPq.