

## Caracterização molecular de híbridos de citros com potencial para porta-enxerto com tolerância à seca

Jozelmo de Sousa Pinho<sup>1</sup>; Walter dos Santos Soares Filho<sup>2</sup>; Abelmon da Silva Gesteira<sup>2</sup>; Claudia Fortes Ferreira<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: jozelmopinho@gmail.com, walter.soares@embrapa.br; abelmon.gesteira@embrapa.br claudia.ferreira@embrapa.br

Líder mundial, a citricultura brasileira se destaca por seu expressivo valor de produção e considerável geração de empregos diretos e indiretos, da ordem de 400 mil colocações de trabalho em nível nacional. Seus pomares somam mais de 300 milhões de plantas, distribuídas por todo o País, em área superior a 900 mil ha. O limoeiro Cravo (*Citrus limonia* Osbeck) é a base de sustentação da pujante citricultura brasileira, graças à sua adaptação a distintas condições edafoclimáticas, atestada por sua predominância em praticamente todas as regiões produtoras, sendo exceções os Estados do Rio Grande do Sul, onde o porta-enxerto principal é a espécie *Poncirus trifoliata* (L.) Raf., e de Sergipe, onde o limoeiro Rugoso (*C. jambhiri* Lush.) divide com o Cravo a primazia na maioria dos pomares. A base genética dos citros é bastante estreita e a espécie é acometida por diversos fatores abióticos, especialmente o déficit hídrico. Neste sentido, é importante considerar que, em virtude das mudanças climáticas globais, sobretudo pelo aumento do efeito estufa, há uma expectativa de que as deficiências hídricas tornem-se mais acentuadas ao longo do tempo e limitem a produção mundial. No Brasil este cenário é encontrado no Nordeste e tem se expandido para outras regiões do país significativamente. Portanto, o principal objetivo do projeto é genotipar porta-enxertos de citros com tolerância à seca, bem como híbridos provenientes de cruzamentos expressivos para a cultura por meio de marcadores ISSR. Foram avaliados 93 acessos pertencentes ao BAG-Citros da Embrapa Mandioca e Fruticultura, dos quais 62 apresentaram resultados satisfatórios para análise molecular por meio de marcadores ISSR (*Inter-Sequence Repeats*). Os seguintes primers foram utilizados: ISSR 43 (TriTGT), ISSR14 (DigA 3'YC) e ISSR 12 (DigA 3'RC), que geraram um total de 33 bandas polimórficas. A matriz de dissimilaridade genética foi gerada a partir de dados binários, utilizando-se o índice de Jaccard e o dendrograma construído a partir do método de agrupamento UPGMA (*Unweighed Pair Group Method with Arithmetic Means*). A distância genética variou de 0.20 para os acessos LCR x CTYW 002 e LCR x TR 001; HTR 055 e LVK x LCR 063 e 0.92 para os acessos TSKC x CTSW 064 e HTR 010; TSKFL x CTC13 005 e TSKFL x CTARG 036; HTR 112 e TSKC x CTQT 1439 035. Com base nesse estudo preliminar, pode-se verificar que a variabilidade genética dos porta-enxertos é bastante ampla, e poderá ser explorada na obtenção de porta-enxertos tolerantes no PMC da Embrapa Mandioca e Fruticultura, ampliando o uso nas diferentes regiões do país.

**Palavras-chave:** Citros spp.; marcadores moleculares; ISSR.