

Seleção de *primers* ISSR para caracterização molecular de acessos de *Spondias mombin* L.

Giovana Sarah Sales Batista¹; Gisele Holanda de Sá¹; Maria dos Remédios Ferreira²; Paulo Sarmanho da Costa Lima³; Lúcio Flavo Lopes Vasconcelos³; Sérgio Emílio dos Santos Velente⁴

¹Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento PPGM/UFPI, estagiária na Embrapa Meio Norte, saarasales.b@gmail.com ²Acadêmica de Farmácia/UNIFSA, bolsista PIBIC/CNPq na Embrapa Meio-Norte, ³Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br ⁴Docente da Universidade Federal do Piauí

O gênero *Spondias*, da família Anarcadiaceae, abriga diversas espécies de interesse socioeconômico, destacando o cajá (*S.mombin* L.). No Brasil, a cajazeira é encontrada principalmente nos estados das regiões Norte e Nordeste. É um fruto tropical com crescente valor de mercado, com destaque na produção e na comercialização de polpa, pela excelente qualidade sensorial que apresenta. Apesar da importância comercial, existem poucas informações genéticas sobre a espécie, e sua caracterização visa dar suporte à manutenção da diversidade e da conservação. O uso de marcadores moleculares do tipo ISSR torna-se uma ferramenta acessível pelo seu alto padrão informativo e baixo custo de execução. O objetivo deste estudo foi selecionar *primers* ISSR adequados para estudos genéticos de acessos de cajá que compõem o Banco Ativo de Germoplasma de Fruteiras da Embrapa Meio-Norte. O DNA foi extraído a partir de 32 amostras de folhas jovens de cajá, por meio do protocolo com o uso do detergente CTAB. A quantificação e a integridade do DNA foram analisadas por meio de espectrofotometria e de gel de agarose 0,8%. Foram testados 17 *primers* desenvolvidos pela University British of Columbia (UBC). As amplificações PCR foram realizadas em termociclador 2720 (Applied Biosystems) sob as seguintes condições: fase inicial de desnaturação de 1'30" a 94 °C, seguida de 40 ciclos de 40" a 94 °C para desnaturação, anelamento a uma temperatura dependente do *primer* durante 45", seguido de extensão de 2' a 72 °C para extensão e uma extensão final de 7 minutos a 72 °C. Os produtos de amplificação foram analisados em gel de agarose a 1,5% para detecção dos fragmentos. Dos 17 *primers* testados, seis foram selecionados com base nos critérios de maior polimorfismo e melhor resolução de bandas, que são: UBC-807, UBC-808, UBC-810, UBC-811, UBC-812 e UBC-842. Sendo, portanto, considerados os mais recomendáveis para a caracterização da diversidade dos acessos de cajá.

Palavras-chave: Cajá, análise genética, marcadores moleculares.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte e CAPES pelo apoio financeiro.