

## ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM *Spondias mombin* L. POR MARCADORES RAPD

Aline Teixeira Barbosa Lima<sup>1</sup>, Valdomiro Aurélio Barbosa De Souza<sup>1</sup>, Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>2</sup>, Paulo Sarmanho Da Costa Lima<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Meio-Norte – [alinetbl@hotmail.com](mailto:alinetbl@hotmail.com); [valdo@cpamn.embrapa.br](mailto:valdo@cpamn.embrapa.br); [sarmanho@cpamn.embrapa.br](mailto:sarmanho@cpamn.embrapa.br). <sup>2</sup>Universidade Federal do Piauí – [rflgomes@ufpi.edu.br](mailto:rflgomes@ufpi.edu.br).

**Palavras-chave:** Fruteira nativa, cajá, melhoramento genético.

A cajazeira (*Spondias mombin* L.) pertence à família Anacardiaceae, é originária da América Tropical e amplamente disseminada no Brasil, onde seu fruto pode ser consumido *in natura* ou processado, na forma de polpa, néctares, doces, sorvetes e destilados. Além de sua importância nutricional, é também usada na marcenaria e suas cascas e folhas são utilizadas com finalidades medicinais. Neste estudo, objetivou-se avaliar a variabilidade genética de 32 acessos pertencentes à Coleção de Germoplasma de Cajá da Embrapa Meio-Norte, por meio de marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). As reações de amplificação foram preparadas com o volume final de 20  $\mu$ L: tampão 1,0x [20 mM Tris HCl, pH 8,0; 0,1 mM EDTA; 1 mM DTT; 50% (v/v) glicerol], 3,0 mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,75 mM de dNTP, 0,2  $\mu$ M de primer, 1U de *Taq DNA polimerase*, 1  $\mu$ L de DNA genômico (~15 ng) e H<sub>2</sub>O ultrapura. O programa utilizado no termociclador foi composto de uma etapa inicial de desnaturação de 1 min a 92°C, seguida de 45 ciclos de 1 min a 92°C para desnaturação, 1 min a 35°C para anelamento, 2 min a 72°C para extensão e uma extensão final de 5 min a 72°C. Os produtos das reações foram separados em gel de agarose a 1,5%, conduzido a 100 V por 4 horas, corado com SYBR Safe DNA Gel Stain a 10.000X e fotodocumentado sob luz ultravioleta. Dos 100 *primers* RAPD avaliados quanto à resolução e o polimorfismo de suas bandas, 21 foram selecionados produzindo um total de 145 fragmentos, sendo 115 polimórficos. O dendograma gerado pelo método UPGMA, através do programa computacional PAST 1.34, permitiu a separação dos acessos em três grupos principais, a partir de uma similaridade média de 68,8%. O acesso BGC 06 ficou em um grupo isolado, tendo apresentado a menor similaridade com os demais acessos. Entre os acessos BGC 13 e BGC 14 foi verificada a maior similaridade (85,2%). Os resultados obtidos com marcadores RAPD permitiram constatar a presença de variabilidade genética entre os acessos que compõe a Coleção de Germoplasma de *S. mombin*, indicando que estes podem ser usados em futuros programas de melhoramento.

Fonte Financiadora: Embrapa, BNB.