

## **CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE GRAVIOLEIRA POR MEIO DE MARCADORES ISSR**

*Eveline Nogueira Lima<sup>1</sup>, José Jaime Vasconcelos Cavalcanti<sup>2</sup>, Patrícia do Nascimento Bordallo<sup>2</sup>, Maria Emília Bezerra de Araújo<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Universidade Federal do Ceará; <sup>2</sup>Embrapa Agroindústria Tropical, CP 3761, CEP 60511-110, Fortaleza, CE, Brasil. E-mail: evelinenlima@gmail.com

A graviola (*A. muricata* L.) é alternativa de alto potencial, uma vez que se trata de fruta adaptada à região Nordeste. Além de apreciada pelos mercados interno e externo, a demanda crescente e o interesse dos consumidores e da indústria de polpa justificam a sua inclusão como um dos frutos tropicais brasileiros de excelente valor comercial. No entanto, o número de cultivares e a exploração da variabilidade genética existente ainda são incipientes. Isso torna necessário o conhecimento da base genética disponível para maximizar a seleção de genótipos superiores e obter ganhos genéticos para características de importância econômica. Neste sentido, objetivou-se avaliar a variabilidade genética de progênies de gravioleira por meio de marcadores moleculares ISSR (Inter Simple Sequence Repeats). Foram utilizadas 25 progênies de gravioleira provenientes de pomares domésticos e de cultivos comerciais do Ceará e Piauí, localizadas no Campo Experimental da Paraipaba, da Embrapa Agroindústria Tropical. O DNA foi extraído de folhas jovens, por meio de uma modificação do método Cavalcanti (2004) modificado, CTAB+PVP 2%. As análises de reações de amplificação foram realizadas, utilizando-se 49 primers ISSR dos quais 20 foram eficientes. A visualização das reações foi feita por meio de imagens de géis de eletroforese com 1% de agarose em TBE, obtidas por meio de sistema de foto documentação. A identificação dos marcadores polimórficos foi feita com base na presença e ausência de bandas. Os 20 primers utilizados geraram 85 bandas polimórficas de um total de 149. Os marcadores ISSR apresentaram polimorfismo e foram eficientes para avaliar e diferenciar as progênies, as quais apresentaram significativa variabilidade genética. Estas informações devem ser utilizadas em futuros trabalhos de melhoramento genético que visam obter as melhores combinações gênicas.

Palavras-chave: polimorfismo, diversidade e ISSR.

Agradecimentos: CNPq.