

MICROSSATÉLITES PARA DISTINGUIR CULTIVARES CLONAIS DE GUARANAZEIRO

Paula Cristina da Silva ANGELO^{1*}, Ana Yamaguishi CIAMPI², Gilvan Ferreira SILVA¹,
Jorge Ivan Rebelo PORTO³, Spartaco ASTOLFI-FILHO⁴, André Luiz ATROCH¹

Marcadores moleculares do tipo SSR (*simple sequence repeats*) ou microssatélites apresentam segregação codominante. Ou seja, nos organismos diplóides os dois alelos presentes em cada *locus* no estado de heterozigose podem ser observados. Nos indivíduos poliplóides, quanto maior o número de informações sobre o grau de ploidia em cada *locus* mais úteis podem ser os marcadores. Alopoliplóides podem apresentar grau de ploidia diferente para *locus* diferentes, em presença ou não de cromossomas homeólogos, por exemplo. O guaranazeiro [*Paullinia cupana* (Kunth) var. *sorbilis* (Mart.) Ducke] é um alopoliplóide com 210 cromossomas nas células somáticas. No entanto, ainda que não se saiba qual a dose de cada um deles, um número grande de alelos por *locus* pode ser útil quando se pretende adicionar características descritivas a genótipos selecionados. O objetivo deste trabalho foi genotipar cultivares clonais de guaranazeiro recomendadas para plantio no Amazonas e distingui-las umas das outras através da presença ou ausência de alelos de microssatélites. Foram identificados, testados e validados 10 *loci* de microssatélites presentes em bibliotecas genômicas de fragmentos de Sau3A1 e MseI enriquecidas utilizando sondas biotinizadas (CA)₁₂, (CT)₁₂, (CA)₁₂+(CT)₁₂ e (TC)₁₄ ou no banco de ESTs de frutos do guaranazeiro com sementes (<https://helix.biomol.unb.br/GR/>). As genotipagens foram realizadas em sequenciadores, utilizando *primer tails* marcados com fluoróforos. Quinze cultivares clonais foram genotipadas. Em razão da complexidade dos padrões de alelos - cinco ou mais por *locus* por indivíduo - as genotipagens foram replicadas três vezes. Desconsiderando a dose/intensidade de cada alelo/pico, a presença de um pico em um cromatograma foi designada com o número 1 e a ausência do pico com o mesmo número de bases, em outro cromatograma, foi designada com 0. O número médio de picos diferindo dos vizinhos por uma ou no mínimo duas bases foi 7,9 ou 6,7, respectivamente. Picos que se repetiram em pelo menos duas das réplicas foram utilizados para geração de matrizes de diversidade e agrupamento das cultivares pelo método do vizinho mais próximo, depois de empregadas 2000 permutas de *bootstrap*. Clados com porcentagem de representatividade alta reuniram cultivares mais difíceis de desagrupar. Para distingui-las será, então, necessário utilizar um maior número de *locus* e/ou outras características. Dois alelos exclusivos, L14215 e L20230, foram identificados.

Palavras-chave: *Paullinia cupana* var. *sorbilis*, Floresta Amazônica, SSR, Diversidade, Poliploidia.

Financiamento: FAPEAM (projeto 924/03) e Embrapa (projeto no. 02.02.4.03.00.00)

¹ Pesquisadores Doutores, Embrapa Amazônia Ocidental, Rod. AM 010, km 29, s/no, CP 319. CEP: 69010-970, Manaus - AM, Brasil.

² Pesquisadora Doutora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica - PqEB - Av. W5 Norte (final). CP 02372. CEP: 70770-917, Brasília - DF, Brasil.

³ Pesquisador Doutor, INPA/NAPPA-Santarém, Rua 24 de outubro, 3389 - Salé. CEP: 68040-010. Santarém - PA, Brasil.

⁴ Professor Doutor, Programa PPGBIOTEC, Centro de Apoio Multidisciplinar - CAM, UFAM, Av. General Rodrigo Octávio, 6200, Coroado I. CEP: 69077-000, Manaus - AM, Brasil.

*paula.angelo@embrapa.br - autora para correspondência