



CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA E DE UM TESTE DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE CAJU

MARIANA LIRA¹; GLÁUCIA S. CORTOPASSI BUSO²; ZILNEIDE P. SOUZA AMARAL³; DÁRIO GRATTAPAGLIA⁴

¹Bióloga, estudante de pós-graduação, Universidade de Brasília, e-mail: lirinha.mariana@gmail.com

²Pesquisadora- Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: glaucia.buso@embrapa.br

³Assistente de Pesquisa- Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: zilneide.amaral@embrapa.br

⁴Pesquisador- Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e-mail: dario.grattapaglia@embrapa.br

Resumo: Foi caracterizada a diversidade e estrutura genética do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) e de um teste de progênies de meios-irmãos de polinização aberta do programa de conservação e melhoramento de cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical. Um total de 144 acessos do BAG e 583 indivíduos de 23 progênies de meios-irmãos de polinização aberta de cajueiro anão precoce foram coletados na Estação Experimental de Pacajus. Um total de 727 plantas foram genotipadas com 12 locos microssatélites. Uma análise da diversidade genética entre os 144 acessos do BAG resultou em heterozigosidade média observada de 59% e média de 6 alelos/loco. Uma matriz de distância genética, baseada no compartilhamento de alelos foi construída e, a partir dela, um dendrograma UPGMA ilustrando as relações entre os acessos. Em seguida, uma análise de estrutura genética com o software STRUCTURE revelou a existência de três grupos distintos, um deles contendo cerca de 60% dos acessos do BAG. Uma análise de máxima verossimilhança do parentesco materno de 583 descendentes das 23 progênies confirmou a maternidade esperada para 73% dos indivíduos com confiabilidade >99% e de 86% deles com confiabilidade >80%, indicando que o controle materno dos cruzamentos realizados, de forma geral, tem sido eficiente na condução dos testes de progênie. Os dados também indicaram uma ampla representatividade de genitores paternos nas descendências.

Palavras-chave: Análise molecular; Diversidade genética; SSR; *Anacardium occidentale*.