

USO DE MARCADORES ISSR PARA A AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE CAJUEIRO

Maraisa Crestani Hawerth^{1*}; Patricia do Nascimento Bordallo²; Luis Cláudio Pessoa Oliveira³

¹Eng^a. agr^a., Pesquisadora da EPAGRI – Estação Experimental de Caçador, Laboratório de Melhoramento Genético de Fruteiras, Caçador-SC, Brasil. * Autor para correspondência: maraisahawerth@epagri.sc.gov.br. ² Eng^a. agr^a., Pesquisadora da Embrapa Agroindústria Tropical, Laboratório de Biologia Molecular, Fortaleza-CE, Brasil. ³ Aluno do Curso de Agronomia da Universidade Federal do Ceará, Fortaleza-CE, Brasil.

Os marcadores ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) são marcadores aleatórios com capacidade de acessar todo o genoma, e são ferramentas importantes para identificar polimorfismo e quantificar a variabilidade genética entre indivíduos de interesse. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a variabilidade genética entre híbridos F₁ de cajueiro e respectivos genitores utilizando iniciadores tipo ISSR. Foram avaliados 10 híbridos F₁ de cajueiro originados de cada um dos cruzamentos: CCP76 x genótipo *Anacardium microcarpum*, CCP76 x BRS226, CCP76 x genótipo HAC276-1, CCP76 x Embrapa51, CCP76 x BRSBahia12, CCP76 x genótipo HAC222-4, e BRS226 x Embrapa51, e incluído na análise os genitores. As extrações de DNA foram realizadas utilizando o método CTAB, ajustado para *A. occidentale*, e foram utilizados 20 iniciadores ISSR: I01-(GACA)₄, I02-(GAAGTGGG)₂, I03-(GTG)₆, I04-(GTG)₄, I05-(TCC)₅, I08-(AGG)₆, I811-(GA)₈C, I816-(CA)₈T, I818-(CA)₈G, I825-(AC)₈T, I826-(AC)₈C, I834-(AG)₈YT, I835-(AG)₈YC, I840-(GA)₈YT, I841-(GA)₈YC, I842-(GA)₈YG, I846-(CA)₈RT, I847-(CA)₈RC, I848-(CA)₈RG e I849-(GT)₈YA. Após a eletroforese dos produtos amplificados, os géis foram fotodocumentados e avaliados, originando uma matriz binária. Foi construída a matriz de similaridade genética utilizando o Coeficiente de Jaccard, e construído o dendrograma com o método UPGMA, possibilitando a separação de grupos com base na similaridade média identificada. Foi realizada a AMOVA a fim de identificar a variância genética dentro e entre populações. As reações revelaram 113 bandas polimórficas que foram utilizadas na caracterização dos genótipos, equivalendo a ≈37,00% das bandas amplificadas. Com base na AMOVA verificou-se que 8,08% da variabilidade genética foi decorrente de diferenças genéticas entre populações, enquanto que 91,92% da variabilidade se deu dentro das populações. A similaridade entre os 77 genótipos de cajueiro esteve no intervalo de 0,35 e 0,79, e com base na similaridade média (sm=0,48) os genótipos foram separados em 22 agrupamentos. Entre os grupos formados, nove foram constituídos por um único genótipo (CCP76, HAC222-4, CCP76xBRS226_1, CCP76xBRS226_6, CCP76xHAC276-1_9, BRS226xEmbrapa51_9, CCP76xHAC222-4_2, CCP76xHAC 222-4_7, e CCP 76xEmbrapa51_9). Os irmãos completos CCP76xA.*microcarpum*_3, CCP76xHAC276-1_2, CCP76xHAC222-4_3, CCP76xHAC222-4_1 e o genitor *A. microcarpum* formaram um agrupamento. Oito grupos foram constituídos por dois genótipos (CCP76xEmbrapa51_8 e CCP76xEmbrapa51_10; CCP76xHAC276-1_1 e CCP76xHAC276-1_8; CCP76xA.*microcarpum*_4 e CCP76xHAC276-1_7; CCP76xA.*microcarpum*_8 e CCP76xEmbrapa51_3; BRSBahia12 e CCP76xA.*microcarpum*_2; CCP76xEmbrapa51_5 e CCP76xBRSBahia12_2; CCP76xBRS226_5 e CCP76xEmbrapa51_7; e, HAC276-1 e CCP76xHAC276-1_4). Os genótipos BRS226xEmbrapa51_4, BRS226xEmbrapa51_5 e BRS226xEmbrapa51_8 formaram um grupo, e outro foi formado pelo genitor Embrapa51 e os híbridos CCP76xEmbrapa51_1 e CCP76xEmbrapa51_2. Os demais 38 genótipos formaram um agrupamento. O uso de iniciadores ISSR foi eficiente em identificar a variabilidade genética entre os genótipos de cajueiro avaliados. Logo, o uso desses marcadores pode auxiliar em ações preconizadas no melhoramento genético, como a identificação de combinações capazes de proporcionar maior heterozigose e efeito heterótico na progênie, e consequentemente, maior probabilidade de recuperação de genótipos transgressivos nas populações segregantes.