

22<sup>o</sup> Encontro de Iniciação Científica da UENF14<sup>o</sup> Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense10<sup>a</sup> Jornada de Iniciação Científica da UFF

IX

Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

II

Congresso Fluminense de Pós-Graduação

17<sup>a</sup> Mostra de Pós-Graduação da UENF2<sup>a</sup> Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense2<sup>a</sup> Mostra de Pós-Graduação da UFF

Ciência, tecnologia e inovação no Brasil: desafios e transformações

## Retrocruzamento em população segregante de *Passiflora* mediado por marcadores de DNA

Fernando Henrique de Barros Walter, Eileen Azevedo Santos, Alexandre Pio Viana, Marcela Santana Bastos Boechat, Daniele Lima Rodrigues

O melhoramento do maracujazeiro-azedo visando resistência ao CABMV tem sido realizado por meio da introgressão de genes nas atuais cultivares por meio da hibridação interespecífica, devendo as progênies obtidas por meio de cruzamentos interespecíficos, passar por processo de melhoramento e seleção. Para ganhar tempo e aumentar a velocidade de resposta dos programas, os melhoristas lançam mão de ferramentas auxiliares como os marcadores moleculares, entre eles destacam-se os ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) pelo seu alto poder informativo. Objetivou-se nesse estudo, utilizar os marcadores ISSR para auxiliar na seleção de genótipos mais próximos de *P. edulis* visando ao avanço de geração no programa de melhoramento genético do maracujazeiro-azedo para resistência ao *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). O DNA de cada material genético (um genótipo de *P. edulis*, *P. setacea*, híbrido interespecífico e 187 plantas RC<sub>1</sub>) foi extraído utilizando o método CTAB. Foram utilizados 9 iniciadores ISSR. Os dados obtidos a partir da amplificação dos iniciadores ISSR foram convertidos em uma matriz de valores binários, cuja presença da marca é identificada pelo número 1 e a ausência por 0, a partir da qual foi calculada a distância genética utilizando o complemento aritmético do Índice de Nei e Li. O agrupamento dos genótipos foi feito por meio do método hierárquico UPGMA. Todos os nove iniciadores apresentaram polimorfismo para os 95 genótipos estudados. Um total de 60 bandas polimórficas foram produzidas. O número total de bandas produzidas por iniciador variou de 3 a 11. Verificou-se a formação de 11 grupos principais: o grupo 1 foi formado pelo progenitor resistente *P. setacea*; o grupo 2 foi formado pelo híbrido interespecífico H5-14 (genitor feminino resistente) e cinco indivíduos RC<sub>1</sub>; os grupos 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10 e 11 foram formados por indivíduos segregantes RC<sub>1</sub> com 9, 21, 15, 12, 11, 3, 8 e 1 genótipos em cada grupo respectivamente e o grupo 9 por sete indivíduos da população RC<sub>1</sub> e o maracujazeiro-azedo (parental recorrente-suscetível). A maior similaridade genética foi obtida entre os genótipos RC<sub>1</sub> 35 e 36, enquanto que a menor similaridade foi observada entre *P. edulis* e *P. setacea*. Dentre os indivíduos mais próximos ao parental recorrente o genótipo RC<sub>1</sub>-89 destaca-se por apresentar resistência ao CABMV o que possibilita sua utilização como genitor no segundo retrocruzamento com *P. edulis* dando continuidade ao melhoramento genético do maracujazeiro para resistência ao CABMV.

Palavras-chave: Maracujazeiro-azedo, CABMV, ISSR.  
Instituição de fomento: FAPERJ, UENF.