



Melhoramento Genético em progênies de irmãos-completos de goiabeira via marcadores moleculares

*Julie Anne Vieira Salgado de Oliveira, Alexandre Pio Viana, Fernando Henrique de Barros
Walter Eileen Azevedo Santos*

O Brasil está entre os três maiores produtores mundiais de goiaba (*Psidium guajava* L.). Na região Norte Fluminense essa fruta é promissora, tendo em vista as condições edafoclimáticas e proximidade às instalações portuárias, porém a região carece de culturas alternativas que possam incrementar a economia local, sendo a fruticultura uma alternativa viável. Diante disso a UENF já conduz um programa de melhoramento para a goiabeira há dez anos e tem obtido resultados positivos na seleção de novos genótipos. Nesse contexto, os marcadores moleculares têm sido utilizados como ferramenta auxiliar para aumentar o conhecimento básico da cultura e das características estudadas. Portanto, o objetivo deste trabalho foi acessar o potencial dos marcadores microssatélites em detectar polimorfismo nos genótipos avaliados, realizar a caracterização genética e estimar índices genotípicos para a quantificação e estruturação da variabilidade genética dos materiais genéticos estudados, como forma de subsídio para o programa de melhoramento genético. Para isso foram avaliados 96 genótipos superiores provenientes de 17 famílias de irmãos-completos de goiabeira oriundos do programa de melhoramento genético da UENF. Foram testados 192 iniciadores microssatélites de uma coleção disponibilizada pelo GUAVAMAP (2008), com testes de temperaturas diversas para amplificação dos primers, tendo variado de 50°C a 60°C. Desses marcadores microssatélites, 22 foram selecionados. Os dados obtidos a partir da amplificação dos 22 iniciadores SSR foram convertidos em código numérico para cada alelo por loco. A matriz numérica foi desenvolvida, atribuindo-se valores de 1 até o número máximo de alelos no loco, como descrito a seguir: para um loco que apresenta três alelos, tem-se a representação 11, 22 e 33 para as formas homozigotas (A1A1, A2A2 e A3A3) e 12, 13 e 23 para as heterozigotas (A1A2, A1A3 e A2A3). A partir dessa matriz numérica, foi calculada a distância genética entre os genótipos estudados, com o auxílio do programa GENES. Com as informações obtidas, foi feita a matriz de distância pelo índice ponderado e a construção do dendrograma pelo método UPGMA. Assim, os genótipos de goiabeira mais divergentes geneticamente, ou seja, aqueles que se encontram em grupos distintos, devem ser indicados em programas de hibridação para a obtenção de populações segregantes, de forma a dar continuidade ao programa de melhoramento genético da goiabeira da UENF.

*Instituição do Programa de IC: UENF
Fomento da bolsa: CNPq*