

QUANTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO SEGREGANTE DE *Passiflora* COM RESISTÊNCIA AO CABMV

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

A transferência de genes de resistência de espécies silvestres para as comerciais de maracujazeiro-azedo tem sido feita por meio de hibridações interespecíficas seguidas de um programa de retrocruzamentos. Para ganhar tempo e aumentar a velocidade de resposta dos programas, os melhoristas lançam mão de ferramentas auxiliares como os marcadores moleculares. Os marcadores microssatélites (SSR) permitem monitorar a característica em transferência, além de identificar indivíduos mais próximos ao genitor recorrente. Objetivou-se nesse estudo, estimar a diversidade genética de uma população segregante de *Passiflora* e seus parentais por meio de marcadores microssatélites 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 RC₁) foi extraído utilizando o método CTAB e foram utilizados 12 iniciadores microssatélites. Os dados obtidos a partir da amplificação dos iniciadores SSR foram convertidos em uma matriz numérica a partir da qual foi calculada a distância genética utilizando o Índice Ponderado e o agrupamento dos genótipos foi feito por meio do método hierárquico UPGMA. Com base na distância genética, verificou-se a formação de 11 grupos principais: o grupo I foi formado por seis indivíduos da população RC₁ e o maracujazeiro-azedo (parental recorrente); o grupo II reuniu o maior número de genótipos, foi constituído pelo híbrido interespecífico H5-14, parental doador resistente ao CABMV e 172 indivíduos RC₁, os grupos III ao X foram formados cada um por um indivíduo RC₁ e o grupo XI pela espécie *P. setacea*, utilizada no cruzamento com *P. edulis* para originar os híbridos interespecíficos e progenitora da população RC₁. A maior similaridade genética foi obtida entre o genótipo 71 e *P. edulis*, enquanto que a menor similaridade foi observada entre *P. edulis* e *P. setacea*. Verificou-se vários subgrupos dentro do grupo II, o que permite identificar alguns indivíduos mais próximos ao parental doador e outros mais próximos ao progenitor. No entanto maior destaque deve ser dado ao grupo I que reúne indivíduos mais próximos ao parental recorrente. Dentre eles, o genótipo 52 foi considerado promissor e poderá ser utilizado como genitor para constituição da população RC₂, uma vez que esse indivíduo não apresentou sintomas de infecção pelo CABMV.

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