



318 - DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI

Eva Maria Rodrigues Costa¹; Andressa Henrique Sousa^{2*}; Hellen Cristina da Paixão Moura¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza¹;
¹Embrapa Mandioca e Fruticultura. ²Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *evamrc_9@hotmail.com

INTRODUÇÃO E OBJETIVOS

O abacaxi (*Ananas comosus* L. Merrill) é uma frutadeira tropical originária da América do Sul, tendo o Brasil como um dos principais centros de diversidade genética da espécie. Assim, é imprescindível que este recurso genético esteja devidamente avaliado e caracterizado. Objetivou-se com este trabalho caracterizar por meio de marcadores ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) a diversidade genética de acessos do Banco Ativo de germoplasma de Abacaxi (BAG-Abacaxi) da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 40 acessos de *Ananas comosus* var. *comosus* do BAG-Abacaxi.

Foram utilizados 13 primers de marcadores ISSR.



As informações geradas foram utilizadas para análise de clusters utilizando o índice de Jaccard e como método de agrupamento o UPGMA (Unweighted Pair Group Method Average)

RESULTADOS

Os *primers* produziram um total de 99 bandas, sendo 89 polimórficas e 10 monomórficas. O valor médio de dissimilaridade genética foi de 0,39, sendo que variaram de 0,16 para os acessos BGA-07 e BGA-09 a 0,60 para os acessos BGA-51 e BGA-73.

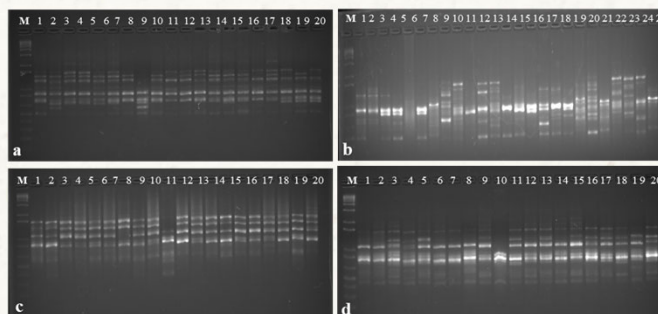


Figura 1. Perfil genético de acessos de abacaxizeiro com quatro primers ISSR a) DiCA5'T; b) TriTGT5' CY; c) TriTGT3' RC e d) DiCA5' CY. M = marcador molecular 1 kb (Invitrogen).

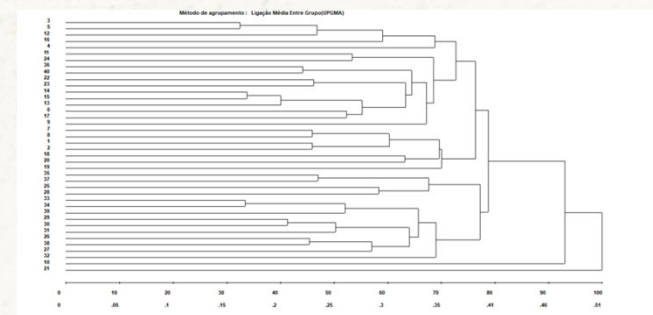


Figura 2. Dendrograma de dissimilaridade entre acessos de abacaxi, obtido pelo método hierárquico UPGMA, com base na matriz de dissimilaridade a partir de marcadores ISSR.

CONCLUSÃO

Os marcadores ISSR utilizados neste estudo foram eficientes na detecção de polimorfismo molecular revelando variabilidade genética entre os 40 acessos avaliados no BAG-Abacaxi.

AGRADECIMENTOS