

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. *E-mail do autor apresentador: evamrc_9@hotmail.com

O abacaxi (*Ananas comosus* L. Merrill) é uma fruteira 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. A caracterização além de permitir conhecer a diversidade genética presente, também gera informações que podem ser utilizadas tanto na conservação como no seu uso atual ou futuro. Para fins de caracterização destaca-se o uso de marcadores moleculares. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi 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. Foram avaliados 40 acessos de *Ananas comosus* var. *comosus* com 13 *primers* de 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*). 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. O dendrograma separou os acessos em três grupos. O grupo I foi composto apenas pelo acesso BGA- 51; O grupo II foi formado por 15 acessos e o grupo III reuniu 24 acessos. Os marcadores ISSR utilizados neste estudo foram eficientes na detecção de polimorfismo molecular revelando variabilidade genética entre os 40 acessos avaliados no BAG -Abacaxi. Os *primers* podem ser utilizados na caracterização de outros acessos de abacaxi, visando além da caracterização a identificação de duplicatas dentro do BAG. As informações geradas neste estudo também podem subsidiar os trabalhos de melhoramento genético por meio de cruzamentos entre acessos divergentes que maximizem a heterose.

Palavras-chave: *Ananas comosus*; Caracterização; Variabilidade;

Agradecimentos: CNPq, FAPESB e Embrapa Mandioca e Fruticultura.