

INTRODUÇÃO

Programas de melhoramento genético buscam alternativas eficazes para melhorar o rendimento da cultura do tomateiro e a qualidade do produto final, por meio de introgressão de genes de resistência de espécies silvestres em genótipos comerciais. Tricomas glandulares presentes no acesso silvestre *S. pennellii* LA-716 exsudam o aleloquímico acilaçúcar, capaz de inferir mecanismos de resistência contra os principais artrópodes-pragas da cultura.

Para a transferência desta característica, por meio de retrocruzamentos, técnicas biotecnológicas, como o uso de seleção assistida por marcadores moleculares, podem ser utilizadas para distinguir de forma rápida genótipos com maior similaridade com o parental recorrente.

Nesse sentido, esta pesquisa visa selecionar genótipos avançados, com altos teores de acilaçúcares e com maior similaridade com o parental comercial, por meio de marcadores moleculares Inter Simple Sequence Repeat (ISSR).

METODOLOGIA

Foram determinados os teores de acilaçúcares nas populações F₂RC₄ e F₂ ([M-08 × F₂RC₃) *S. pennellii* × *S. lycopersicum*) juntamente com os parentais cv. Redenção, linhagem M-08 e *S. Pennelli*.

Amostras de tecido foliar foram obtidas dos genótipos selecionados para altos teores de acilaçúcares, além dos parentais, para extração do DNA para análise de similaridade genética.

Para ganhos de seleção foi utilizada a análise assistida por marcadores moleculares, utilizando 10 primers ISSR (Tabela 1) para obtenção de genótipos com maior similaridade com o comercial.

Tabela 1. Primers ISSR (inter-simple sequence repeat) utilizados neste estudo com suas sequência e temperatura de pareamento PA (°C).

Primer	Sequência* (5'-3')	TP (°C)
UBC807	(AG)8T	52°
UBC808	(AG)8C	50°
UBC809	(AG)8G	55°
UBC810	(GA)8T	52°
UBC811	(GA)8C	52°
UBC815	(CT)8G	52°
UBC827	(AC)8G	53°
UBC835	(AG)8YC	52°
UBC836	(AG)8YA	53°
UBC848	(CA)8AGG	55°

* Y = (C,T). Fonte: o próprio autor..

Os dados foram submetidos às análises de normalidade e homogeneidade, análise de variância e o teste F ($P \leq 0,05$), as médias foram agrupadas por meio do teste de Scott-Knott, com 5% de significância. As imagens obtidas dos géis de eletroforese foram avaliadas visualmente, por meio da contagem do número de bandas polimórficas, gerando uma matriz binária, sendo observada a presença (1) ou ausência (0). Com a matriz formada foi realizada análise de similaridade entre os genótipos avaliados com 'Redenção', M-08 e *S. pennellii* LA-716, estimada pelo coeficiente de Jaccard.

RESULTADOS E CONCLUSÕES

Mediante a determinação de acilaçúcares nos folíolos nos genótipos avançados, foram selecionados trinta e quatro genótipos com alto teor de acilaçúcar, além do parental silvestre e dez com baixo teor do aleloquímico, além dos parentais com 'Redenção' e M-08.

Em todos os genótipos foram avaliados 10 primers ISSR (*inter-simple sequence repeat*). Nos indivíduos do cruzamento entre a cultivar Redenção e o genótipo RVTA-230 (H) os 10 primers ISSR amplificaram 123 fragmentos e destes, 74,80% foram polimórficos e utilizados nas análises. A similaridade genética entre os genótipos deste cruzamento variou de 17% a 68% (Tabela 2).

Tabela 2. Similaridade genética entre os parentais e genótipos do cruzamento entre 'Redenção' e RVTA-230 (H), estimado pelo coeficiente de Jaccard com dados dos marcadores inter-simple sequence repeat (ISSR). SP: *Solanum pennellii*; Red: *Solanum lycopersicum* (cv. Redenção). R: Retrocruzados com 'Redenção' (F₂RC₄); H: Alto teor de acilaçúcar; L: Baixo teor de acilaçúcar.

Genótipo	SP	Red	#230	#113	#114	#118	#148	#178	#187
Redenção (L)	0,40								
RVTA - 230 (H)	0,36	0,56							
RVTA - 113R (H)	0,41	0,57	0,68						
RVTA - 114R (H)	0,17	0,35	0,29	0,34					
RVTA - 118R (H)	0,23	0,53	0,42	0,50	0,49				
RVTA - 148R (H)	0,19	0,40	0,36	0,43	0,54	0,42			
RVTA - 178R (L)	0,30	0,57	0,54	0,62	0,26	0,50	0,38		
RVTA - 187R (L)	0,21	0,39	0,35	0,42	0,32	0,30	0,41	0,44	
RVTA - 190R (L)	0,24	0,46	0,48	0,58	0,35	0,40	0,38	0,44	0,42

Fonte: o próprio autor..

Nos indivíduos originários do cruzamento entre M-08 e RVTA-230 (H), os 10 primers ISSR amplificaram 123 fragmentos e destes, 73,98% foram polimórficos e utilizados nas análises. A similaridade genética entre os genótipos deste cruzamento variou de 22% a 70% (Tabela 3).

Tabela 3. Similaridade genética entre os parentais e genótipos do cruzamento entre M-08 e RVTA-230 (H), estimado pelo coeficiente de Jaccard com dados dos marcadores inter-simple sequence repeat (ISSR). SP: *Solanum pennellii* LA-716; M: F₂ ([M-08 × F₂RC₃) *S. pennellii* × *S. lycopersicum*]; H: Alto teor de acilaçúcar; L: Baixo teor de acilaçúcar.

Genótipo	SP	M-08	#230	#344	#358	#374	#381	#403	#404	#406
M-08 (L)	0,41									
RVTA - 230 (H)	0,37	0,44								
RVTA - 344M (L)	0,31	0,43	0,53							
RVTA - 358M (L)	0,26	0,42	0,42	0,65						
RVTA - 374M (L)	0,22	0,37	0,43	0,36	0,33					
RVTA - 381M (H)	0,33	0,51	0,41	0,47	0,45	0,39				
RVTA - 403M (H)	0,37	0,50	0,37	0,51	0,56	0,33	0,49			
RVTA - 404M (H)	0,36	0,55	0,47	0,51	0,50	0,43	0,63	0,65		
RVTA - 406M (H)	0,33	0,55	0,52	0,48	0,49	0,45	0,60	0,60	0,70	
RVTA - 408M (H)	0,36	0,47	0,43	0,48	0,48	0,42	0,61	0,60	0,69	0,67

Fonte: o próprio autor..

Os marcadores moleculares ISSR foram efetivos e altamente polimórficos, identificaram entre os genótipos avançados selecionados para alto teor de acilaçúcar os materiais com as maiores similaridades com o parental 'Redenção' e linhagem M-08. Estes genótipos constituem, portanto, potenciais doadores de pólen para a próxima geração de retrocruzamento.

AGRADECIMENTOS

