

DIVERSIDADE GENÉTICA EM AROEIRA (*Schinus terebinthifolius*) BASEADA EM MARCADORES ISSR

CONDE, Pedro Paulo^{1*}; MARQUES, Mayara de Mello²; DAMASCENO JUNIOR, Pedro Corrêa³.

¹Bolsista CAPES, Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia (PPG-Fitotecnia), IA/UFRRJ, e-mail: pedropaulo940@gmail.com; ²Bolsista CAPES, Doutorado o Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia (PPG-Fitotecnia), IA/UFRRJ; ³Professor do Departamento de Agrotecnologias e Sustentabilidade (DATS), UFRRJ.

Área de Concentração: Produção Vegetal/Melhoramento vegetal

No Brasil, a aroeira (*Schinus terebinthifolius*) se destaca, principalmente, pelas suas propriedades medicinais e pela produção da pimenta-rosa. Apesar do seu potencial agrônomo, apenas uma cultivar da espécie foi registrada no Ministério da Agricultura. Trabalhos de melhoramento genético são de suma importância para se desenvolver cultivares adaptadas as áreas de produção. Sendo assim, o primeiro passo é conhecer a diversidade genética disponível. Por isso, presente pesquisa teve o objetivo de conhecer a diversidade genética entre 38 genótipos femininos de aroeira (*Schinus terebinthifolius* Raddi.) através de marcadores de DNA do tipo ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*). Para tal, o DNA genômico de todas as plantas foram extraídos a partir de folhas. Estas foram maceradas em nitrogênio líquido, e o processo de extração foi conforme método CTAB. Após a sua quantificação em nanodrop, diferentes primers ISSR foram testados. Os 15 primers mais polimórficos foram utilizados. Após a realização dos PCR's, os produtos amplificados foram submetidos a eletroforese em gel de agarose a 5%. Todos os géis foram fotodocumentados e analisados. A presença de bandas foi anotada com valor 1 (um), e a ausência, zero. A planilha binária foi utilizada para a estimação da matriz de dissimilaridade de Jaccard. Esta matriz foi submetida a análise de agrupamento via método UPGMA para obtenção de um dendrograma. Em seguida, estimou-se a correlação cofenética via Teste de Mantel. O número ótimo de grupos no dendrograma foi conforme algoritmo kgs. Todas as análises estatísticas foram realizadas no Programa R. A correlação cofenética foi estimada em 0,72. Esta estimativa indica bom ajuste entre as matrizes. Foram observados nove grupos no dendrograma. Os grupos II, III e VIII foram os menores, com um genótipo cada. Os grupos I, IV e V também foram pequenos, tendo, respectivamente, três, dois e dois genótipos. Os grupos VI, VII e IX foram os maiores, respectivamente, concentraram oito, 15 e cinco genótipos. Destaque ao grupo VII, contendo 39,47% dos genótipos analisados. A média de distância genética dentro deste grupo foi de 0,76. No geral, a média de dissimilaridade foi estimada em 0,79. A menor distância foi de 0,65, entre os genótipos UFRRJ ARO107-F e 119-F. O genótipo mais dissimilar foi o UFRRJ ARO 026-F, com 0,92 de distância, a maior. Tanto as magnitudes de dissimilaridades genéticas estimadas, como o número de grupos formados no dendrograma e a distribuição dos genótipos nos grupos apontaram para uma alta diversidade genética entre os genótipos analisados.

Palavras-chave: Melhoria de plantas; planta medicinal; marcadores moleculares.

Agências Financiadoras: CAPES; FAPERJ.