

# OBTENÇÃO DE POPULAÇÕES DE RETROCRUZAMENTOS E CONFIRMAÇÃO DA FECUNDAÇÃO CRUZADA NO MARACUJAZEIRO COM BASE EM MARCADORES MOLECULARES

Fábio G. Faleiro<sup>1</sup>; Nilton T. Vilela Junqueira<sup>1</sup>; Marcelo F. Braga<sup>1</sup>; Graciele Bellon<sup>1</sup>; José R. Peixoto<sup>2</sup>; Ana Maria Barros<sup>1</sup>; Thiago A. Borges<sup>2</sup>; Daniella A. Almeida<sup>2</sup>; Bruno Costa<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, CEP 73310-970, Planaltina-DF;

<sup>2</sup>Universidade de Brasília; <sup>3</sup>Universidade Federal de Goiás.

e-mail: ffaleiro@cpac.embrapa.br

## Introdução

Espécies silvestres de maracujá nativas e espontâneas no cerrado são alternativas para a ampliação da base genética da resistência a doenças do maracujazeiro, entretanto, trabalhos de melhoramento genético são necessários para combinar a resistência com características de produtividade e qualidade de frutos. O método dos retrocruzamentos tem sido muito utilizado para incorporação de genes de resistência em variedades comerciais e marcadores moleculares têm sido ferramentas úteis em tais programas (Faleiro et al., 2004a; 2004b).

## Objetivo

Obter populações de retrocruzamentos envolvendo a variedade comercial *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* cv. Gigante Amarelo como recorrente e espécies silvestres *P. setacea*, *P. coccinea*, *P. caerulea* como genitores resistentes e utilizar marcadores moleculares do DNA como ferramentas auxiliares na confirmação da fecundação cruzada.

## RESULTADOS

Plantas F1 envolvendo a variedade comercial *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* cv. Gigante Amarelo e espécies silvestres *P. setacea*, *P. coccinea*, *P. caerulea*, bem como plantas RC utilizando a variedade comercial como recorrente foram obtidas com sucesso. A Figura 1 ilustra os principais genitores e alguns dos materiais genéticos obtidos.

O sucesso das hibridações foram confirmadas com base em marcadores moleculares RAPD. A Figura 2 ilustra produtos de amplificação de DNA genômico e a Figura 3 ilustra marcadores moleculares informativos para a confirmação ou não da fecundação cruzada. Considerando a existência de polimorfismos intra-específicos, são incluídas as amostras dos dois possíveis genitores para facilitar a análise.

As distâncias genéticas entre as plantas RC e o genitor recorrente calculadas com base em marcadores RAPD estão sendo utilizadas para a seleção das plantas RC mais próximas do cv. Gigante Amarelo, acelerando, dessa forma, a recuperação do genoma recorrente (Tabela 1 e Figura 4).

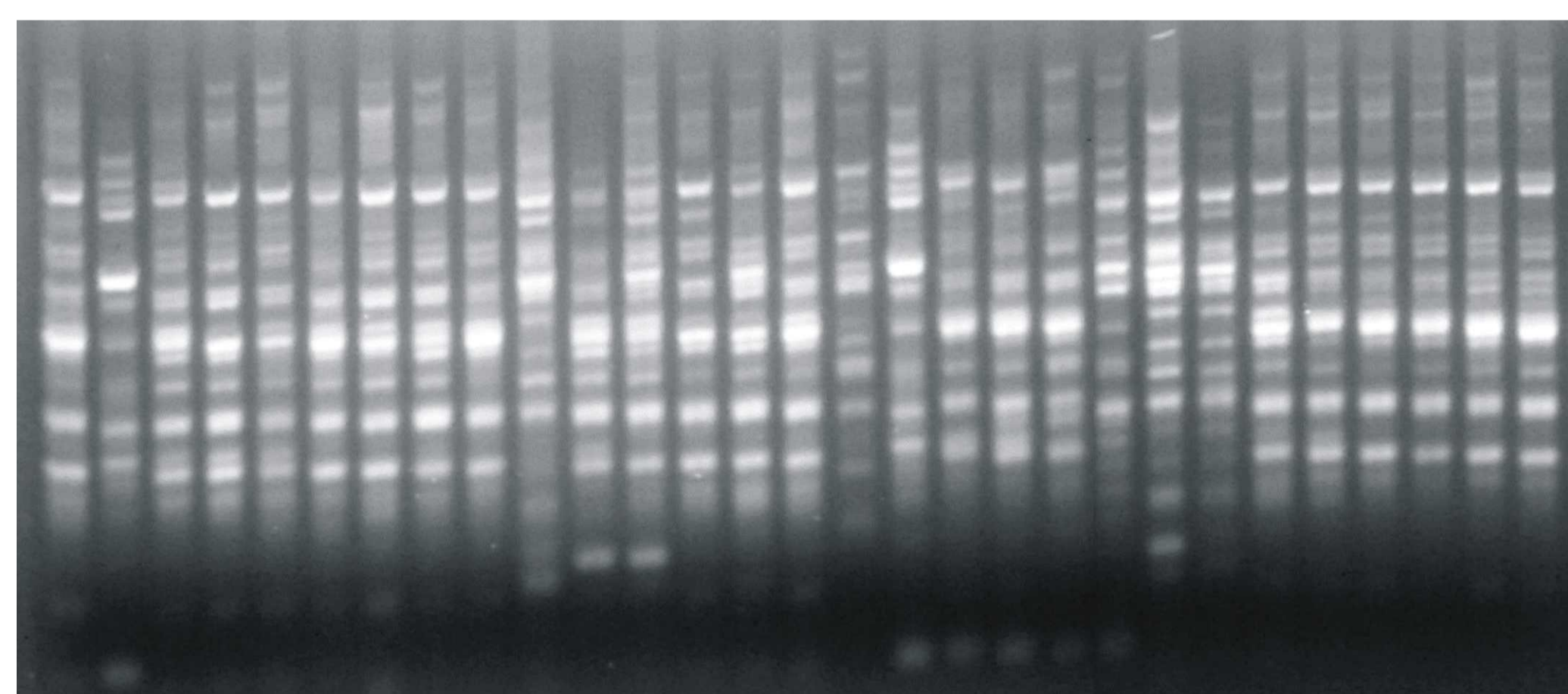


Figura 2. Produtos de amplificação de amostras de DNA genômico de 29 genótipos de maracujazeiro obtidos com o uso do primer decâmico OPF-14.

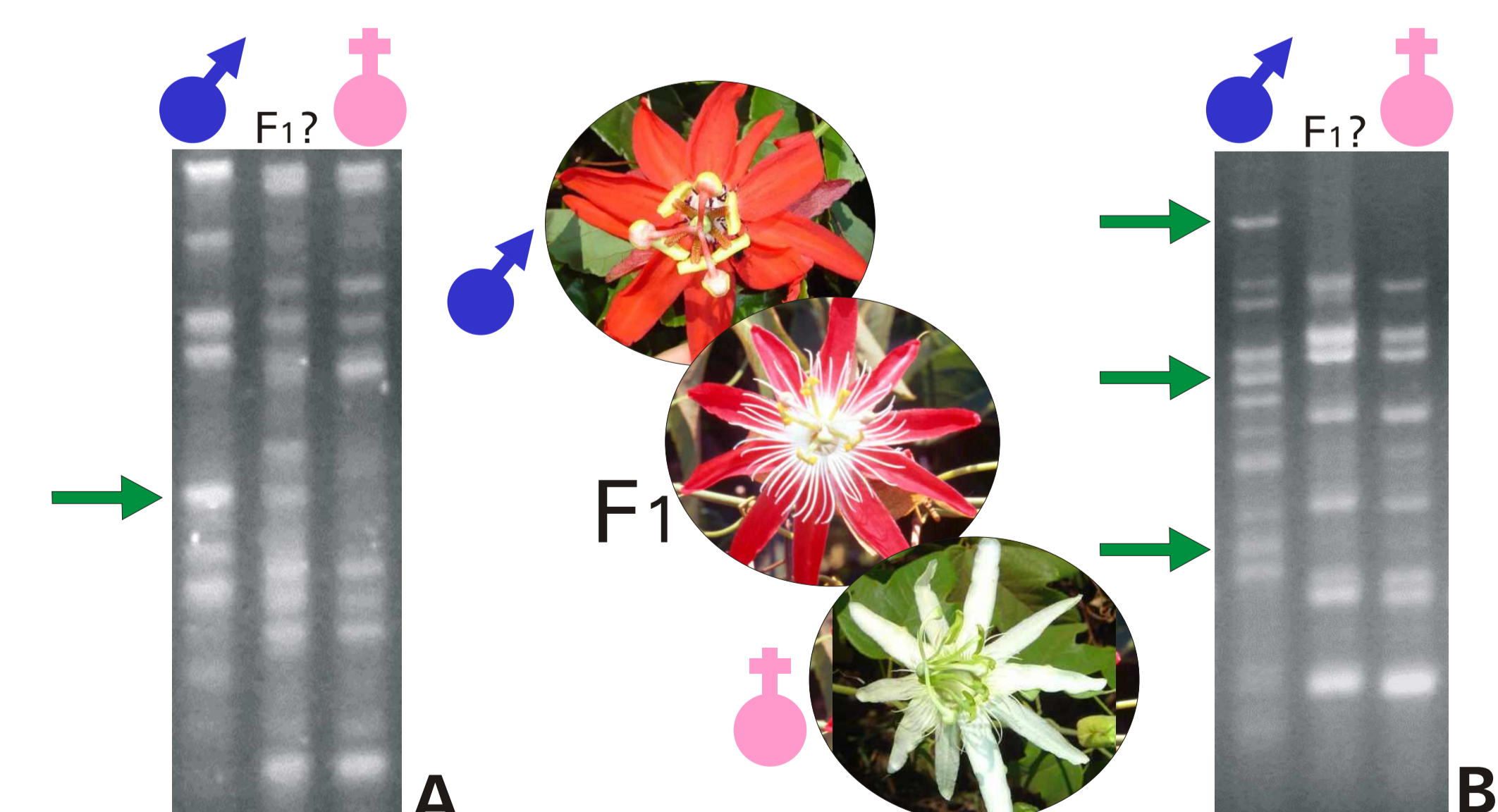


Figura 3. Marcadores moleculares informativos para a confirmação (A) ou não- confirmação (B) da fecundação cruzada em maracujazeiro.

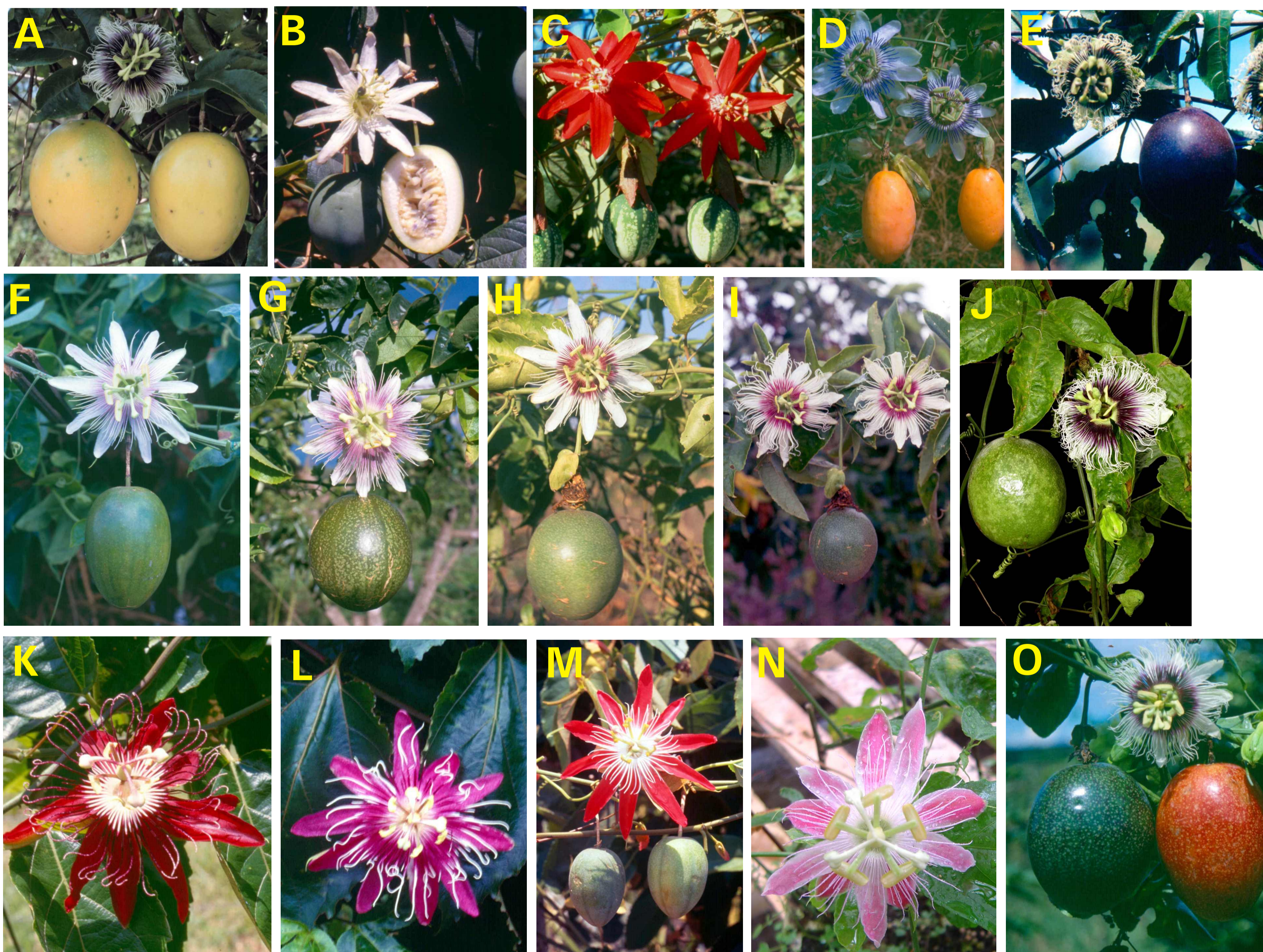


Figura 1. Fotos dos genitores Gigante Amarelo (A), *P. setacea* (B), *P. coccinea* (C), *P. caerulea* (D) e Roxo (E), plantas F1 (F), RC1 (G), RC2 (H), RC2 (I) e RC3 (J) do cruzamento *P. edulis* f. *flavicarpa* X *P. setacea*, plantas F1 (K) e RC1 (L) do cruzamento *P. edulis* f. *flavicarpa* X *P. coccinea*, planta F1 (M) do cruzamento *P. coccinea* X *P. setacea*, planta oriunda do cruzamento entre *P. edulis* f. *flavicarpa* X *P. coccinea* X *P. setacea* (N) e Rub (O).

Tabela 1. Distâncias genéticas entre acessos do Subprograma 1 de retrocruzamentos e o genitor recorrente *P. edulis*.

Acessos do Subprograma 1	DGNL	DGR
Pe	0,000	0
DGNL	0,622	100,0
Ps X Pe F1 P1	0,306	48,1
Ps X Pe F1 P2	0,282	41,8
Ps X Pe X Pe RC1 P1	0,176	30,4
Ps X Pe X Pe RC1 P2	0,181	32,9
Ps X Pe X Pe X Pe RC2 P1	0,098	16,5
Ps X Pe X Pe X Pe RC2 P2	0,104	17,7
Ps X Pe X Pe X Pe RC2 P3	0,122	21,5
Ps X Pe X Pe X Pe X Pe RC3 P1	0,106	17,7
Ps X Pe X Pe X Pe X Pe RC3 P2	0,101	17,7
Ps X Pe X Pe X Pe X Pe RC3 P3	0,081	13,9
Ps X Pe X Pe X Pe X Pe X Pe RC4 P3	0,068	7,0

DGNL - Distância genética baseada no complemento do coeficiente de similaridade de Nei & Li  
DGR - Distância genética relativa (%)  
Pe - *Passiflora edulis*  
Ps - *Passiflora setacea*  
P - Planta

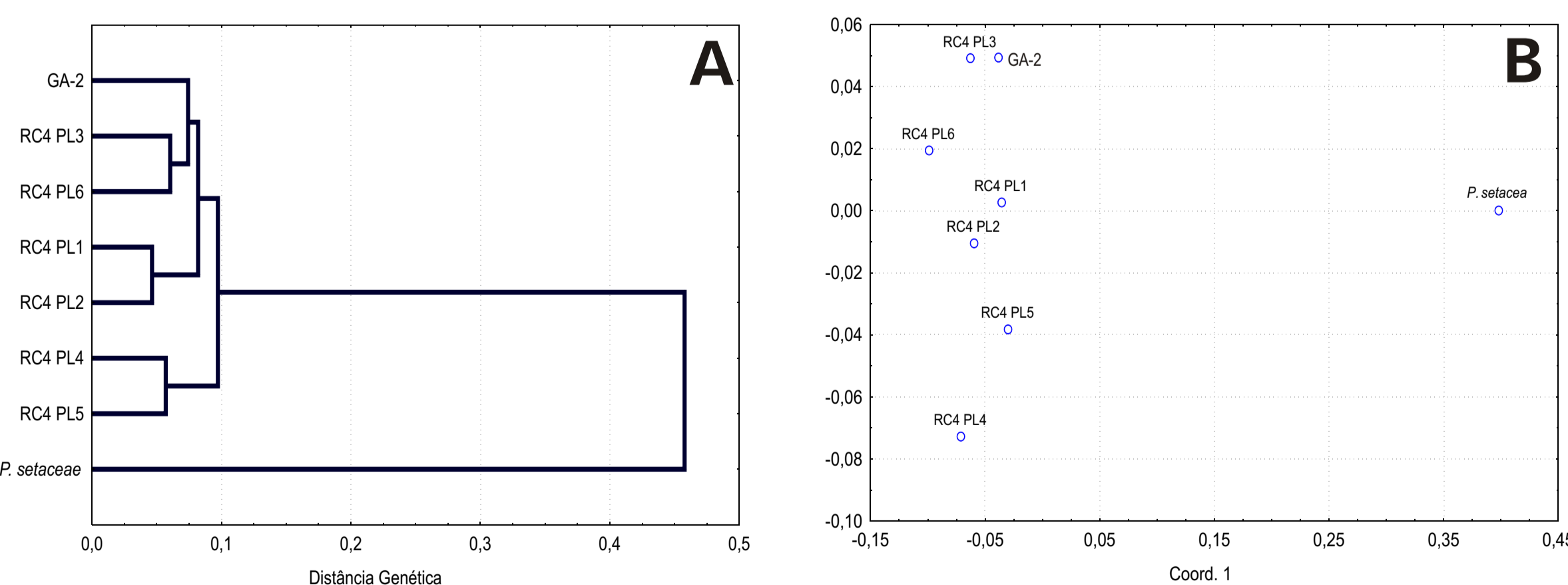


Figura 4. Análises de agrupamento por métodos hierárquicos (A) e gráfico de dispersão (B) de seis plantas RC4 e dos genitores resistente (*P. Setacea*) e recorrente (GA-2) com base nas distâncias genéticas calculadas com base em 119 marcadores RAPD.

## CONCLUSões

Populações de retrocruzamentos baseadas em hibridações inter-específicas foram obtidas com sucesso e marcadores moleculares foram ferramentas úteis na confirmação da fecundação cruzada principalmente em ciclos mais avançados de retrocruzamentos.

## Materiais e métodos

Cruzamentos inter-específicos envolvendo a variedade comercial *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* cv. Gigante Amarelo e espécies silvestres *P. setacea*, *P. coccinea*, *P. caerulea*, bem como retrocruzamentos utilizando a variedade comercial como recorrente foram realizados. O programa de retrocruzamentos foi dividido em quatro subprogramas: SP1 (*P. edulis* X *P. setacea*), SP2 (*P. edulis* X *P. coccinea*), SP3 (*P. edulis* X *P. caerulea*) e SP4 (*P. coccinea* X *P. setacea* X *P. edulis*).

Marcadores RAPD foram utilizados para confirmar as hibridações para a obtenção das plantas F1 e RC de cada subprograma, para obtenção de híbridos entre as variedades Gigante Amarelo e Rubi e para obtenção de híbridos envolvendo as espécies *P. coccinea*, *P. setacea* e *P. caerulea*. Em cada análise, foram obtidos, pelo menos, 100 marcadores RAPD para cada material genético.

Os marcadores RAPD gerados foram convertidos em matrizes de dados binários, a partir das quais foram estimadas as distâncias genéticas entre os diferentes materiais genéticos com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei & Li, utilizando-se o Programa Genes (Cruz, 1997). A matriz de distâncias genéticas foi utilizada para realizar análises de agrupamento e de dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio do Programa Statistica (STATSOFT Inc., 1999).

## Literatura citada

- CRUZ, C.D. Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Editora UFV, 1997. 648p.  
FALEIRO, F.G.; RAGAGNINI, V.A.; MOREIRA, M.A. & BARROS, E.G. Use of molecular markers to accelerate the breeding of common bean lines resistant to rust and anthracnose. *Euphytica*, 138: 213-218. 2004a.  
FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BELLON, G.; KRALH, L.L.; ANJOS, J.R.N.; PEIXOTO, J.R.; BRAGA, M.F.; REZENDE, A.M. Utilização de marcadores moleculares em retrocruzamentos visando a resistência do maracujazeiro-azedo a múltiplas doenças. In: Fitopatologia brasileira, 29 (suplemento): S325. 2004b.  
STATSOFT Inc. Statistica for Windows [Computer program manual]. Tulsa, OK. StatSoft Inc. 2300 East 14<sup>th</sup> Street, Tulsa. 1999.