



DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE *Varronia curassavica* EM SERGIPE

FABIANY DE ANDRADE BRITO¹; DANIELA APARECIDA DE CASTRO NIZIO²;
SHEILA VALÉRIA ÁLVARES CARVALHO³; MARIA LÍCIA FONSECA
RIBEIRO⁴; RAFAELA SANTOS DE MOURA⁵; RENATA SILVA-MANN⁶; ARIE
FITZGERALD BLANK⁷

¹Engenheira agrônoma, estudante de pós-graduação, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão - SE, e-mail: fabi_andradebr@hotmail.com

²Engenheira agrônoma, estudante de pós-graduação, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão - SE, e-mail: danielanizio@yahoo.com.br

³Engenheira florestal, estudante de pós-doutorado, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão - SE, e-mail: sheilaalvares@yahoo.com.br

⁴Engenheira agrônoma, estudante de pós-graduação, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão - SE, e-mail: mllicia@yahoo.com.br

⁵Engenheira agrônoma, estudante de pós-graduação, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão - SE, e-mail: rafaela-smoura@hotmail.com

⁶Professora da Universidade Federal de Sergipe-SE, Departamento de Engenharia Agrônômica, e-mail: renatamann@gmail.com

⁷Professor da Universidade Federal de Sergipe-SE, Departamento de Engenharia Agrônômica, e-mail: arie.blank@gmail.com

Resumo: Objetivou-se analisar a diversidade genética entre acessos de *Varronia curassavica* visando obtenção de genótipos superiores. Os acessos foram coletados em Sergipe, nos municípios de Graccho Cardoso (GRC), Itabaiana (ITA), Japarutuba (JAP) e São Cristóvão (SCCAM/SCQUI). Foi extraído DNA de 88 indivíduos (14 a 25 indivíduos/acesso). Iguais alíquotas de DNA de cada indivíduo por acessos foram misturadas para obtenção do *bulk*. Foram testados 9 *primers* de ISSR. O programa NTSYS foi utilizado para obter a correlação entre as distâncias espacial e genética, feita sua significância pelo teste de Mantel. Foram produzidas 126 bandas com 73,8% de polimorfismo, sendo este valor satisfatório para a análise da diversidade genética ($r < 0,05$; correlação=0,99). A diversidade genética média foi 61%, a maior foi entre os acessos SCCAM/SCQUI (72,846 %) e a menor ITA/JAP (40,95%). O Teste de Mantel revelou que a correlação entre as distâncias genética e a distância espacial não foi significativa ($r=0,36$; $p=0,81$). As populações mais divergentes geneticamente estão localizadas em São Cristóvão e apresentam menor distância espacial (2,77Km). Os cinco acessos possuem significativos índices de diversidade genética entre eles e os acessos SCCAM e SCQUI devem ser priorizados na seleção de genótipos superiores.

Palavras-chave: Caracterização molecular; marcadores ISSR; erva-baleeira.