

Caracterização e diversidade genética de híbridos e genitores silvestres de *Passiflora* spp. com potencial de uso funcional e medicinal com base em marcadores SNPs⁽¹⁾

Tais Barbosa, Fábio Gelape Faleiro^(2,4), Nilton Tadeu Vilela Junqueira⁽³⁾, Jamile da Silva Oliveira⁽²⁾, Orzenil Bonfim Silva Júnior⁽²⁾ e Dario Grattapaglia⁽²⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior. ⁽²⁾Bolsistas, Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. ⁽⁴⁾tais@agronoma.eng.br

Resumo – Marcadores moleculares Polimorfismo de Nucleotídeo Único (SNPs) têm sido utilizados em estudos genômicos para apoiar os programas de caracterização e uso de germoplasma e melhoramento genético de espécies de *Passiflora* que possam apresentar potencial funcional e medicinal. Neste trabalho, objetivou-se caracterizar a diversidade genética de híbridos e genitores de maracujazeiros silvestres oriundos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Passiflora* spp. da Embrapa Cerrados, utilizando marcadores SNPs. Um total de 109.404 SNPs foram detectados em sequências de DNA de 75 pares de bases, geradas por meio da técnica de genotipagem por sequenciamento DArTSeq com sequenciamento de nova geração (NGS). Desses, 809 marcadores SNPs foram filtrados com um call rate > 85% e frequência alélica mínima (MAF) > 0,05 e analisados em 14 acessos, envolvendo 11 populações do BAG Maracujazeiro da Embrapa Cerrados, obtidas através de cruzamentos entre maracujazeiros silvestres. Os dados foram codificados em categorias e analisados pelo método de Gower, utilizando o pacote statmatch do software R. Análises de agrupamento foram realizadas utilizando o método da Média Não Ponderada de Grupo Pares (UPGMA) como critério, com a função hclust do pacote stats, versão 4.0.2. Em seguida, foram selecionados os números apropriados de clusters a partir da função fviz_nbclust com o método silhueta e o dendrograma com a função fviz_dend, ambas do pacote factoextra do software R. As frequências alélicas foram analisadas por meio do pacote dplyr do software R, que apresentou a frequência de 44% de alelos em homozigo-

se para o genótipo de referência, 2% em homozigose para o genótipo alternativo, 28% de heterozigose e 26% de dados faltantes. Com base nas análises dos marcadores SNPs, foram estabelecidos seis grupos de similaridade entre os híbridos e genitores silvestres, com tendência de agrupamento dos acessos da mesma espécie. A espécie *Passiflora auriculata* foi a que demonstrou maior diversidade genética entre as espécies analisadas. A análise da diversidade genética permitiu a obtenção de importantes informações para o prosseguimento das análises bioquímicas das espécies estudadas, além de fornecer subsídios para os programas de conservação de recursos genéticos e melhoramento dos maracujás.

Termos para indexação: maracujazeiro, passiflora, diversidade genética, SNPs, marcadores moleculares.