

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE *ASTROCARYUM VULGARE* MART. SELECIONADOS PARA FRUTOS E TEOR DE ÓLEO COM BASE EM MARCADORES SSR

Maria do Socorro Padilha de Oliveira¹; Ilenilce Castro da Silva²; Natália Padilha de Oliveira³

¹ Embrapa Amazônia Oriental. ² Universidade Federal Rural da Amazônia. ³ Universidade Federal de Lavras. *socorro-padilha.oliveira@embrapa.br.

O tucumã-do-Pará (*Astrocaryum vulgare* Mart.) é uma das várias espécies comumente encontradas na bacia amazônica, **principalmente em** terrenos secos. Essa palmeira possui uso diversificado, como remédio, na alimentação humana e de animais, construção, extração de fibras, artesanatos, etc. Apresenta potencial como produtor de óleo, além de ser excelente fonte de vitamina A, porém tem escassez de dados que possam contribuir com a sua domesticação. Objetivou-se quantificar a variabilidade genética entre acessos de *A. vulgare* selecionados para a produção de frutos e teor de óleo na polpa com base em marcadores SSR. Foram coletados folíolos de dois grupos de acessos de tucumanzeiros conservados em Banco de Germoplasma, BAG-tucumã: o primeiro selecionado para produção de frutos e o segundo para teor de óleo na polpa, ambos com 29 plantas, sendo que seis delas pertencem aos dois grupos. Após a extração de DNA as amostras foram quantificadas em gel de agarose a 1% pela comparação com DNA do fago lambda nas concentrações de 50, 100 e 200 ng/ul⁻¹. A genotipagem das 52 amostras foi feita para 20 locos SSR, sendo oito de *Bactris gasipaes* e doze de *Astrocaryum aculeatum*. A eletroforese vertical foi realizada em gel de poliacrilamida a 7%, corado com nitrato de prata a 0,04% e os géis escaneados para a contagem dos alelos. Os dados de sete locos foram analisados nos programas NTSYS e GenAlex. O dendrograma gerado pelo método UPGMA formou dois grupos com vários subgrupos, seja para os acessos selecionados para frutos ou óleo. As heterozigosidades observadas (H_o : 0,368 para fruto e óleo) foram menores que as esperadas (H_e : fruto: 0,492, óleo: 0,473). A análise de variância molecular revelou maior percentagem da variância dentro dos grupos (73,22%) e a taxa de fluxo gênico se mostrou alta (3,382), indicando grande movimentação de genes entre os tucumanzeiros.

Palavras-chave: Tucumã-do-Pará; genotipagem; Heterozigosidades

Agradecimentos: À FAPESPA pelo apoio financeiro via projeto ICAAF 129/2014.