

DIVERSIDADE GENÉTICA DE MANDIOCA EM DIFERENTES MICRORREGIÕES DO ESTADO DO PARÁ

Solange da Cunha Ferreira¹, Elisa Ferreira Moura-Cunha², Nelcimar Reis de Souza³,
Mônica Fecury Moura⁴

¹Universidade Federal Rural da Amazônia ²Embrapa Amazônia Oriental ³Embrapa Cocais

⁴Unesp – Campus Botucatu *E-mail do autor para correspondência:
elisa.moura@embrapa.br.

A Amazônia brasileira é reconhecida com o centro de domesticação da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), e, além disso, parte de sua população mantém hábitos tradicionais de uso das raízes e folhas da mandioca no preparo de alimentos. O Estado do Pará é o maior produtor de raízes de mandioca do Brasil e a espécie é cultivada nas diferentes microrregiões de seu território. Para avaliar a diversidade genética da mandioca em diferentes microrregiões do Pará, 246 acessos provenientes de 10 microrregiões e conservados no Banco de Germoplasma de Mandioca da Amazônia Oriental foram caracterizados molecularmente com 11 marcadores microssatélites em sequenciador automático. As microrregiões avaliadas e seus respectivos número de acessos foram: Altamira (oito acessos), Bragantina (41), Cametá (15), Castanhal (12), Guamá (13), Paragominas (29), Portel (29), Salgado (23), Santarém (46) e Tomé-Açu (30). As estimativas de parâmetros genéticos para amostragem total e considerando as microrregiões foram realizadas no programa GenAlex 6.501, assim como a análise de variância molecular (AMOVA). Todos os locos foram polimórficos, com média 11 alelos por loco. A heterozigosidade esperada foi alta ($H_E = 0,69$), evidenciando existência de diversidade genética na amostra total. Houve diferenciação genética entre as microrregiões, porém baixa ($\Phi_{ST} = 0,038$, $P \geq 0,001$). A maior porção de variação foi identificada dentro das microrregiões (96%). Santarém apresentou a maior média de alelos (7,0) e Altamira a menor (4,45), parcialmente influenciado pelo tamanho das amostras. A microrregião de Tomé-Açu apresentou o maior valor de H_E (0,68) e a do Salgado a menor (0,61). A microrregião de Castanhal apresentou o maior valor de heterozigosidade observada ($H_O = 0,68$) e a de Portel a menor ($H_O = 0,55$). O grupo de acessos de Paragominas apresentou o maior valor de índice de fixação ($f = 0,15$) e o grupo de Castanhal apresentou o menor valor ($f = 0,02$). Os resultados indicaram que as microrregiões do Pará possuem importância semelhante para a diversidade genética. No entanto, a microrregião de Tomé-Açu, que foi representada por 30 acessos, apresentou a maior diversidade genética medida por H_E . Essa região contém o município de Acará, identificado como maior produtor de mandioca do estado, que destina a produção principalmente para a produção de farinha. O estudo foi importante para determinar a representatividade em diversidade genética por microrregiões que o BAG de mandioca da Amazônia Oriental possui.

Palavras-chave: marcadores microssatélites; *Manihot esculenta* Crantz; banco de germoplasma

Agradecimentos: CNPq (408042/2013-3), Fapespa (ICAAF 145/2014), CAPES e à Embrapa