

Resumos

Encontro de Ciência e Tecnologias Agrossustentáveis
VI Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril



8 a 10 de Agosto de 2017

Sinop, MT



***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Agrossilvipastoril
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

**Resumos do
Encontro de Ciência e Tecnologias Agrossustentáveis e da
VI Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril**

Editores Técnicos

Alexandre Ferreira do Nascimento

Daniel Rabello Ituassu

Eulália Soler Sobreira Hoogerheide

Fernanda Satie Ikeda

José Ângelo Nogueira de Menezes Júnior

***Embrapa
Brasília, DF
2017***

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Agrossilvipastoril

Rodovia dos Pioneiros, MT 222, km 2,5
Caixa Postal: 343
78550-970 Sinop, MT
Fone: (66) 3211-4220
Fax: (66) 3211-4221
www.embrapa.br/
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Unidade responsável pelo conteúdo e pela edição

Embrapa Agrossilvipastoril

Comitê de publicações

Presidente

Flávio Fernandes Júnior

Secretário-executivo

Daniel Rabello Ituassú

Membros

Aisten Baldan, Alexandre Ferreira do Nascimento, Dulândula Silva Miguel Wruck, Eulalia Soler Sobreira Hoogerheide, Flávio Dessaune Tardin, Jorge Lulu, Laurimar Gonçalves Vendrusculo, Rodrigo Chelegão, Vanessa Quitete Ribeiro da Silva

Normalização bibliográfica

Aisten Baldan (CRB 1/2757)

1ª edição

Publicação digitalizada (2018)

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

Embrapa Agrossilvipastoril.

Encontro de Ciência e Tecnologias Agrossustentáveis; Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril (6. : 2017 : Sinop, MT.)

Resumos ... / Encontro de Ciência e Tecnologias Agrossustentáveis e da VI Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril / Alexandre Ferreira do Nascimento (et. al.), editores técnicos – Brasília, DF: Embrapa, 2017.
PDF (335 p.) : il. color.

ISBN 978-65-87380-46-9

1. Congresso. 2. Agronomia. 3. Ciências ambientais. 4. Zootecnia. I. Embrapa Agrossilvipastoril. III. Título.

CDD 607

Aisten Baldan (CRB 1/2757)

© Embrapa 2018

Editores Técnicos

Alexandre Ferreira do Nascimento

Engenheiro agrônomo, doutor em Solos e nutrição de plantas, pesquisador da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT

Daniel Rabello Ituassu

Engenheiro de Pesca, mestre em Biologia de Água Doce e Pesca, pesquisador da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT

Eulália Soler Sobreira Hoogerheide

Engenheira agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT

Fernanda Satie Ikeda

Engenheira agrônoma, doutora em Fitotecnia, pesquisadora da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT

José Ângelo Nogueira de Menezes Júnior

Engenheiro agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento, pesquisador da Embrapa Meio-Norte, Sinop, MT

Caracterização molecular de etnovariedades de mandioca cultivadas por agricultores no município de Apiacás, MT

Eliane Cristina Moreno de Pedri^{1*}, Auana Vicente Tiago¹, Elisa dos Santos Cardoso¹, Eulália Sobreira Soler Hoogerheide²; Oscar Mitsuo Yamashita¹; Ana Aparecida Bandini Rossi¹

¹UNEMAT, Alta Floresta, MT, elicmbio@gmail.com, auanavt@gmail.com, elisabyo@gmail.com, yama@unemat.br, anabanrossi@gmail.com,

²Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT, eulalia.hoogerheide@embrapa.br.

Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma importante cultura de raízes tuberosas produzidas mundialmente por apresentar boa adaptação a diferentes condições ambientais (Tumuhimbise et al., 2014). No Brasil, a cultura é cultivada principalmente por agricultores familiares para autoconsumo, uma condição que garante à ampla diversidade genética da espécie (Zuin et al., 2009).

A diversidade genética pode ser analisada por meio de marcadores moleculares que são ferramentas utilizadas na detecção da variabilidade genética das plantas revelando polimorfismo ao nível do DNA. Dentre os marcadores moleculares se destacam os SSR's (*sequências simples repetidas*) que consistem de 1 a 6 nucleotídeos repetidos em *tandem*, apresentando-se como altamente informativos (Borém; Caixeta, 2016).

Portanto, objetivou-se neste estudo avaliar por meio de marcadores microssatélites a diversidade genética de etnovariedades de mandioca cultivadas no norte do estado de Mato Grosso, Brasil.

Material e Métodos

Para a caracterização molecular foram coletadas folhas jovens de 40 genótipos de quatro etnovariedades de mandioca (Cacau branca, Cacau roxa, Cacau amarela e Mandioca pão) cultivadas no norte do Estado de Mato Grosso, no município de Apiacás.

Para a extração do DNA seguiu-se o protocolo de CTAB (Brometo de Cetil Trimetil Amônio) descrito por Doyle e Doyle (1990). Para a genotipagem dos genótipos foram utilizados 14 locos microssatélites descritos por Chavarriaga-Aguirre et al. (1998) e Mba et al. (2001), estes foram marcados com fluorescência FAM e HEX e posteriormente combinados em sistemas duplex para amplificação simultânea de dois diferentes locos. A amplificação foi realizada via PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) e as amostras submetidas à eletroforese capilar no Analisador Automático de DNA *ABI 3130XL Genetic Analyzer* (Applied Biosystems, Foster City, Califórnia, USA). Os tamanho dos alelos amplificados foram determinados com auxílio do marcador ROX 500, utilizando o programa GeneMarker (v.2.6.3).

Os parâmetros de diversidade genética, tais como: número de alelos por loco (A), heterozigosidade esperada (H_e) e observada (H_o), conteúdo de informação polimórfica (PIC) e coeficiente de endogamia (f), foram estimados para cada loco através do programa PowerMarker v.3.25 (Liu; Mouse, 2005).

O método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*) foi utilizado e um dendrograma foi constituído, com base nas distâncias genéticas de Nei et al. (1983) utilizando o software PowerMarker integrado ao programa MEGA 6.5 (Kumar et al., 2004) para edição.

Resultados e Discussão

Os 14 locos microssatélites revelaram um total de 91 alelos nos 40 genótipos de *M. esculenta*, variando de 3 (SSRY21, GAGG5) a 13 (GA136), com média de 6,5 alelos por loco (Tabela 1). Os dados obtidos são superiores ao encontrado por Gonçalves et al. (2017), que obteve média de 3,4 alelos por loco ao avaliar a diversidade genética e a estrutura populacional de mandioca no estado de Minas Gerais e de Asare et al. (2011), também em estudos com a espécie em Ghana, África do Sul, que obtiveram médias que variaram entre 2 a 9 alelos por loco, apresentando média de 5,0.

Tabela 1. Estatística descritiva por loco microssatélite: número de indivíduos genotipados (n); número de alelos por loco (A); heterozigosidade esperada (H_e); heterozigosidade observada (H_o); coeficiente de endogamia (f) e conteúdo de informação polimórfica (PIC).

Locos	n	A	H_e	H_o	PIC	f
SSRY21	39	3	0,524	1,000	0,411	-0,905
SSRY28	39	5	0,782	0,974	0,746	-0,234
SSRY27	38	12	0,858	0,921	0,843	-0,060
SSRY35	40	7	0,798	1,000	0,768	-0,241
SSRY8	35	7	0,661	1,000	0,602	-0,502
GAGG5	40	3	0,533	0,975	0,426	-0,824
GA12	36	4	0,585	0,778	0,517	-0,317
GA21	39	4	0,668	0,590	0,602	0,130
GA131	33	5	0,757	1,000	0,713	-0,307
SSRY43	38	8	0,764	0,921	0,725	-0,192
SSRY126	40	5	0,120	0,075	0,118	0,386
GA136	37	13	0,835	0,784	0,815	0,075
GA140	39	10	0,818	1,000	0,797	-0,210
SSRY40	40	5	0,649	1,000	0,584	-0,532
Média	38.07	6.5	0,668	0,858	0,619	-0,272

A heterozigosidade observada (H_o) variou de 0,075 a 1,000 com média de 0,858. Já a heterozigosidade esperada (H_e) variou de 0,120 a 0,858 com média de 0,668 por loco. A média da H_o foi maior que a média da H_e , indicando que entre os genótipos analisados há um elevado número de heterozigotos, apresentando baixo nível de endogamia (HARTL; CLARK, 2010). O índice de fixação (f) médio dos locos apresentou valor negativo (-0,272),



confirmando o excesso de heteroziguidade observada nos cultivos analisados e a existência de cruzamentos aleatórios.

O PIC (Conteúdo de informação polimórfica) variou de 0,118 (SSRY126) a 0,843 (SSRY27). Seguindo a classificação de Botstein et al. (1980), 11 dos locos analisados apresentaram PIC satisfatório ($PIC > 0,5$).

A análise de agrupamento pelo método UPGMA permitiu verificar a formação de dois grupos distintos entre os genótipos de *M. esculenta*, sendo o grupo I formado pelas etnovariedades cacau roxa e cacau amarela e o grupo II agrupou cacau branca e mandioca pão (Figura 1).

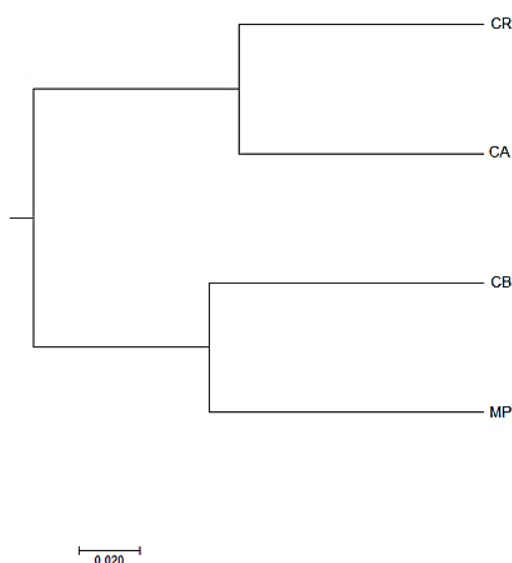


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA (Cacau branca (CA); Cacau roxa (CR); Cacau amarela (CA); mandioca pão (MP)).

Conclusão

A alta variabilidade genética encontrada neste estudo aponta que as etnovariedades avaliadas possuem características favoráveis quanto à conservação, estando aptas para uso em programas de melhoramento destacando também a importância dos agricultores familiares na preservação desses recursos genéticos em suas roças.

Agradecimentos

À Universidade do Estado de Mato Grosso (Unemat), Campus de Alta Floresta; Capes; Seduc-MT; Embrapa e undação de Amparo a Pesquisa do Estado de Mato Grosso (Fapemat).

Referências

- ASARE, P. A.; GALYUON, I. K. A.; SARFO, J. K.; TETTEH, J. P. Morphological and molecular based diversity studies of some cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm in Ghana. **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n. 63, p. 13900-13908, 2011.
- BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores Moleculares**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2016.
- BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. W. Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, v. 32, n. 3, p. 314-331, 1980.
- CHAVARRIAGA-AGUIRRE, P. P.; MAYA, M. M.; BONIERBALE, M. W.; KRESOVICH, S.; FREGENE, M. A.; TOHME, J.; KOCHERT, G. Microsatellites in cassava (*Manihot esculenta* Crantz): discovery, inheritance and variability. **TAG Theoretical and Applied Genetics**, v. 97, n. 3, p. 493-501, 1998.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, n. 1, p. 13-15, 1990.
- GONÇALVES, T. M.; VIDIGAL FILHO, P. S.; VIDIGAL, M. C. G.; FERREIRA, R. C. U.; ROCHA, V. P. C.; ORTIZ, A. H. T.; MOIANA, L. D.; KVITSCHAL, M. V. Genetic diversity and population structure of traditional sweet cassava accessions from Southern of Minas Gerais State, Brazil, using microsatellite markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 16, n. 8, p. 346-358, 2017.
- HARTL, D. L.; CLARK, A. G. **Princípios de genética de populações**. 4 ed. Porto Alegre: Artmed, 2010.
- KUMAR, S.; TAMURA, K.; NEI, M. MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. **Briefings in Bioinformatics**, v. 5, n. 2, p. 150-163, 2004.
- LIU, K.; MUSE, S. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data. **Bioinformatics**, v. 21, n. 9, p. 2128-2129, 2005.
- MBA, R. E. C.; STEPHENSON, P.; EDWARDS, K.; MELZER, S.; NKUMBIRA, J.; GULLBERG, U.; APEL, M.; GALE, J.; TOHME, M.; FREGENE, M. Simple sequence repeat (SSR) markers survey of the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genome: towards an SSR-based molecular genetic map of cassava. **TAG Theoretical and Applied Genetics**, v.102, n. 1, p. 21-31, 2001.
- NEI, M.; TAJIMA, F.; TATENO, Y. Accuracy of Estimated Phylogenetic Trees from Molecular Data. **Journal of Molecular Evolution**, v. 19, n. 2, p. 153-170, 1983.
- TUMUHIMBISE, T.; MELIS, R.; SHANAHAN, P.; KAWUKI, R. Genotype x environment interaction effects on early fresh storage root yield and related traits in cassava. **The Crop Journal**, v. 2, n. 5, p. 329-337, 2014.
- ZUIN, G. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; GONÇALVES-VIDIGAL, C.; COIMBRA, G. K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, n. 1, p. 21-30, 2009.