

## Diversidade genética entre genótipos de pinhão-mansão com base em marcadores moleculares

Adriana de Souza Carneiro (Universidade de Brasília, adriana Carneiro95@hotmail.com), Ana Clara Oliveira Comby (Universidade de Brasília, anacomby.acc@gmail.com), Eloisa Silva Gomes (Universidade de Brasília, geloisagomes@gmail.com), Alex Gabriel Cajado Ferreira (Universidade de Brasília, gabriel.cajado.f@gmail.com), Leonardo de Sousa Rocha (Universidade de Brasília, leonardos322@gmail.com), Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br) Adriano dos Santos (Embrapa Agroenergia, adriano.agro84@hotmail.com), Júlio César Marana (Embrapa Agroenergia julio.marana@embrapa.br), Rosana Falcão (Embrapa Agroenergia, rosana.falcao@embrapa.br), Erina Vitório Rodrigues (Universidade de Brasília, erinavict@hotmail.com).

**Palavras Chave:** *Jatropha curcas* L., variabilidade genética, SNP.

### 1 - Introdução

O pinhão manso (*Jatropha curcas* L.) é uma planta com potencial para utilização com fins bioenergéticos, entretanto estudos sobre esta cultura se encontram em estágio inicial (Anggraeni et al., 2018). Esta espécie é perene, não domesticada, pertence à família Euphorbiaceae, diploide e seu genoma possui 22 cromossomos (DIVAKARA et al., 2010). Acredita-se que o seu centro de origem é o México, alguns estudos apontam que nos genótipos brasileiros há baixa diversidade genética (Rosado et al., 2010) o que dificulta sua domesticação.

A análise da diversidade genética e da estrutura populacional são fatores essenciais para adquirir informações sobre esta espécie e assim estabelecer estratégias para melhorar a reprodução, permitir manejo dos recursos genéticos, realizar melhoramento genético e estabelecer uma população segregante e com os caracteres desejados. Após essas etapas, será possível produzir em larga escala, de forma que atenda à finalidade bioenergética (LAVIOLA et al., 2017).

Desta forma, os marcadores moleculares são utilizados para caracterizar e quantificar genoma de uma determinada espécie. Os SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) são marcadores que permitem a identificação de uma única nucleotídeo de forma eficaz (Ya et al., 2018). Sendo utilizada em grandes quantidades de genótipos, permitindo a comparação entre os indivíduos e determinação da estrutura populacional (YANG et al., 2018).

O objetivo desse trabalho foi estimar a diversidade genética entre genótipos de pinhão-mansão por meio de marcadores moleculares SNPs.

### 2 - Material e Métodos

Avaliaram-se 70 famílias de pinhão-mansão em delineamento experimental de blocos ao acaso com seis repetições, três plantas por parcela e espaçamento de 4 x 2 m. Para extração de DNA, coletou-se 3 folhas de cada indivíduo que foram mantidas em freezer -20°C. As amostras foram lavadas e liofilizadas. O protocolo de extração do DNA de amostras de folhas de *Jatropha* foi realizado conforme o manual do fabricante *NucleoSpin Plant II* (Macherey-Nagel), com modificações. A quantificação e qualidade das amostras foram realizadas com auxílio do espectrofotômetro Nanodrop com absorvância em 260 e 280 nm.

As amostras foram genotipadas utilizando a plataforma Axiom myDesign Genotyping Arrays. O sequenciamento foi realizado com base nos marcadores moleculares SNPs.

Realizou-se Análise de Variância Molecular (AMOVA). Para estimativa da diversidade genética foi realizada a análise da qualidade dos marcadores com bases nos índices *MAF*, *Call rate* e índice de heterozigotidade, em que avaliou-se a frequência que os marcadores aparecem, considerando um índice com 95% de aparecimento. As análises estatísticas e moleculares foram realizadas com o auxílio do *software* R (R Core Team, 2018).

### 3 – Resultados e Discussão

Após a análise de qualidade dos marcadores, foi quantificada a variabilidade genética em 573 genótipos. De acordo com a AMOVA foi verificada variabilidade genética dentro e entre as populações (Tabela 1). A maior variação indicada foi a entre indivíduos (69,32%), ou seja, dentro das populações formadas. Logo, a variação entre os grupos foi menor (30,68%).

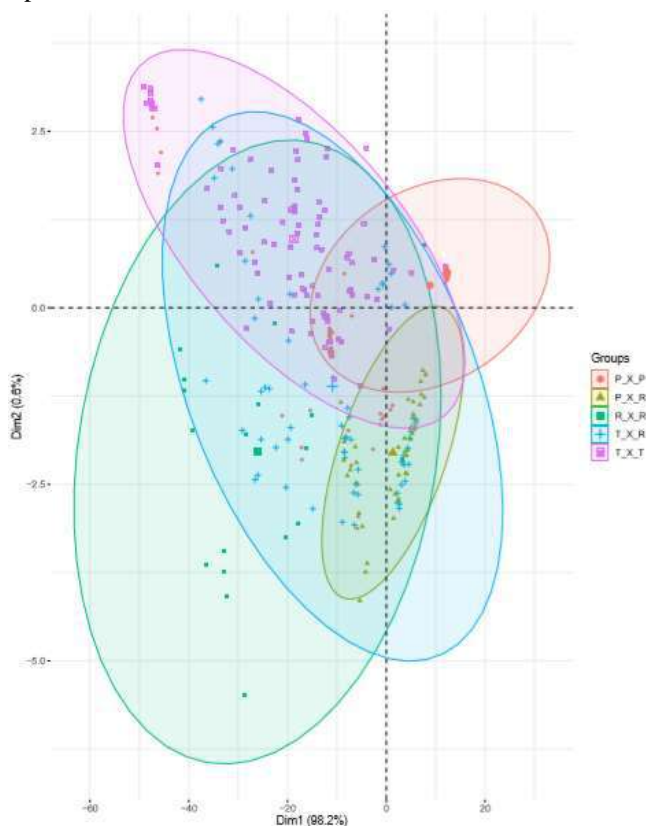
**Tabela 1.** Análise de variância molecular (AMOVA) e estimativa de variância entre e dentro das populações.

Fonte de variação	GL	Quadrado Médio	Variância	Porcentagem (%)
Entre populações	4	1474,37	16,96	30,68
Dentro das populações	568	38,33	55,23	69,32
Total	572	48,37		

De acordo com a análise de componentes principais (PCA) foram formadas cinco populações (Figura 1), que estruturam os genótipos de pinhão-mansão amostrados. Estas populações formadas seguem a estrutura de genótipos que foram cruzados para gerar progênes que obtivessem os genes de plantas com as características de alta produtividade, atóxicos e resistência à oídio.

A estrutura de população é fundamental para descrever como estão sendo segregadas as principais características dentro da população estudada, determinando assim os parentescos que geraram a mesma e definindo quais são os cruzamentos que mais obtiveram novos indivíduos.

Há sobreposição de grupos, o que indica que os indivíduos podem estar presentes em mais de um grupo. A população 1, os indivíduos estão mais concentrados, enquanto o grupo da população 3 foi o que apresentou maior dispersão dos indivíduos.



**Figura 1.** Análise dos componentes principais. Foram formadas cinco populações de acordo com as características de interesse para culturas. Populações 1: P\_X\_P; 2: P\_X\_R; 3: R\_X\_R; 4: T\_X\_R e 5: T\_X\_T.

#### 4 – Conclusão

Há variabilidade genética entre os genótipos avaliados, sendo que a variabilidade dentro da população é maior do que a interindividual.

Foram formados cinco populações na análise de PCA, onde indivíduos da população 1 são mais próximos do e os da população 3 são os mais distantes.

#### 5 – Agradecimento

Embrapa Agroenergia, Embrapa Cerrados, CNPq, Finep e Universidade de Brasília.

#### 6 - Bibliografia

ANGGRAENI, T. D. A.; SATYAWAN, D.; KANG, Y. J.; HÁ, J.; KIM, M. Y.; CHITIKINENI, A.; VARSHNEY, R. K.; LEE, S. H.. Genetic Diversity of *Jatropha Curcas* Collections from Different Islands in Indonesia. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* **2018**, 16, 334–42.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy* **2013**, 35, 271-276.

DIVAKARA, B. N.; UPADHYAYA, H. D.; WANI, S. P.; LAXMIPATHI GOWDA, C. L. Biology and Genetic Improvement of *Jatropha Curcas* L.: A Review. *Applied Energy* **2010**, 87, 732–42.

LAVIOLA, B. G.; RODRIGUES, E. V.; TEODORO, P. E.; PEIXOTO, L. A.; BHERING, L. L. Biometric and biotechnology strategies in *Jatropha* genetic breeding for biodiesel production. *Renewable and Sustainable Energy Reviews* **2017**.

R CORE TEAM. R: The R Project for Statistical Computing. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>. Acesso em: 16 de agosto. 2019.

ROSADO, T. B.; LAVIOLA, B. G.; FARIA, D. A.; PAPPAS, M. R.; BHERING, L. L.; QUIRINO, B.; GRATTAPAGLIA, D. Molecular Markers Reveal Limited Genetic Diversity in a Large Germplasm Collection of the Biofuel Crop *Jatropha curcas* L. in Brazil. *Crop Science* **2010**, 50, 2372-2382.

YA, N.; RAVEENDAR, S.; BAYARSUKH, N.; YA, M.; LEE, J. R.; LEE, K. J.; SHIN, M. J.; CHO, G. C.; MA, K. H.; LEE, G. A. Genetic Diversity and Population Structure of Mongolian Wheat Based on SSR Markers: Implications for Conservation and Management. *Plant Breeding and Biotechnology* **2018**, 5, 213–20.

YANG, Z.; LU, R.; DAI, Z.; YAN, A.; CHEN, J.; BAI, Z.; XIE, D.; TANG, Q.; CHENG, C.; XU, Y.; SU, J. Analysis of Genetic Diversity and Population Structure of a Worldwide Collection of *Corchorus Olitorius* L. Germplasm Using Microsatellite Markers. *Biotechnology and Biotechnological Equipment* **2018**, 32, 961–67.