

Resumos

II Encontro de Ciência e Tecnologias Agrossustentáveis
VII Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril



8 de Agosto de 2018

Sinop, MT



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

**Resumos do
II Encontro de Ciência e Tecnologias Agrossustentáveis e da
VII 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

Marina Moura Morales

***Embrapa
Brasília, DF
2018***

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

Secretária-executiva

Fernanda Satie Ikeda

Membros

Aisten Baldan, Alexandre Ferreira do Nascimento, Daniel Rabelo Ituassú, Dulândula Silva Miguel Wruck, Eulália Soler Sobreira Hoogerheide, Jorge Lulu, Rodrigo Chelegão, Vanessa Quitete Ribeiro da Silva

Normalização bibliográfica

Aisten Baldan (CRB 1/2757)

1ª edição

Publicação digitalizada (2019)

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 (7. : 2018 : 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, 2018.

PDF (215 p.) : il. color.

ISBN 978-65-87380-45-2

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

CDD 607

Aisten Baldan (CRB 1/2757)

© Embrapa, 2021

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

Marina Moura Morales

Química, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Florestas, Sinop, MT



Caracterização molecular de etnovariedades de mandioca obtidas da região periurbana de Sinop, Mato Grosso

Poliana Elias Figueredo^{1*}, Eulalia Soler Sobreira Hoogerheide², Auana Vicente Tiago³, Ana Aparecida Bandini Rossi⁴, Marcia Fabiana B de Paula¹, Joyce Mendes Andrade Pinto², Ana Paula Moura da Silva²

¹UFMT, Sinop, MT, *polianaeliasfigueiredo@hotmail.com,

¹UFMT, Sinop, MT, fabianadpaula@yahoo.com.br,

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

²Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT, joyce.andrade@embrapa.br,

²Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT, anapaula.moura@embrapa.br,

³Bionorte - Rede de Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal, Alta Floresta, MT, auana_bio@hotmail.com,

⁴UNEMAT, Alta Floresta, MT, anabanrossi@gmail.com.

Introdução

O Brasil possui grande potencial para o progresso mundial da mandioca, através da exploração de coleta em regiões com alta variabilidade genética, como no Centro-Oeste e a Amazônia.

A diversidade genética da cultura é resultado da seleção natural durante a evolução da espécie, e como resposta disso houve a criação e manutenção de milhares de variedades crioulas, selecionadas as diversas características desejáveis para os mais diferentes ambientes (Hershey, 1988), sendo que o manejo do agricultor também contribuiu para o incremento da diversidade. Os marcadores moleculares ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) são muito utilizados em estudos de diversidade e variabilidade genética, pois não necessitam do conhecimento prévio do genoma (Barth et al., 2002).

O presente estudo tem como objetivo avaliar a diversidade genética de etnovariedades de mandioca cultivadas por agricultores da região periurbana do município de Sinop, por meio de marcadores moleculares ISSR.

Material e Métodos

O estudo foi realizado na estrada da Nanci, região periurbana da cidade de Sinop, estado do Mato Grosso. Foram coletadas amostras de folhas de 17 etnovariedades (Tabela 1) de mandioca mantida pelos agricultores locais. O DNA das folhas foi extraído a partir do método de CTAB (Brometo de Cetil Trimetil Amônio) descrito por Doyle e Doyle (1990), com modificações, e quantificado por espectrofotometria a 260 nm, sendo a relação A260/A280 utilizada para avaliar a pureza do DNA.

Foram utilizados oito primers de ISSR. Para as reações amplificações via PCR, usou-se o termociclador Biocycler, seguindo o programa descrito por Silva et al. (2011). Os resultados das amplificações foram separados por eletroforese em gel de agarose a 1,5%,



com tampão TBE 1 x, com voltagem constante de 60 V por aproximadamente quatro horas. E posteriormente visualizados em transiluminador UVB e fotodocumentados.

Tabela 1. Código, nome e origem das 17 etnovariedades de mandioca avaliadas, Sinop, MT.

Código	Variedade	Chácara	Origem
SP1	<i>Casca Roxa</i>	Verde Vale	Fazenda São Cristóvão
SP2	<i>Mandioca Pão</i>	Verde Vale	---
SP3	<i>Mandioca Amarela I</i>	Verde Vale	---
SP4	<i>Roxa I</i>	Verde Vale	Rio Preto
SP5	<i>Branquinha</i>	Verde Vale	---
SP6	<i>Não identificada I</i>	Verde Vale	Comunidade BR-80 em Peixoto
SP7	<i>Amarela II</i>	Bela Vista	Carmem
SP8	<i>Não Identificada II</i>	Bela Vista	Já estava na propriedade
SP9	<i>Mandioca Amarela II</i>	Bela Vista	Gleba Mercedes
SP10	<i>Amarela de Fritar</i>	Bela Vista	Alta Floresta
SP11	<i>Mandioca Roxa Amarela</i>	Bela Vista	Chácara Kaiser
SP12	<i>Roxa II</i>	Kaiser	Alto da Gloria
SP13	<i>Pão legitima</i>	Kaiser	Chácara 84-A
SP14	<i>Branca (Santa Catarina)</i>	Kaiser	Já estava na propriedade
SP15	<i>Mandioca 60 dias</i>	Kaiser	Chácara Verde Vale
SP16	<i>Amarela (casca branca)</i>	Kaiser	---
SP17	<i>Não Identificada III</i>	Kaiser	Tabapuã (antes veio do Paraná)

Os resultados foram obtidos por avaliação visual, sendo as bandas classificadas em presença (1) e ausência (0) e convertidas em uma matriz de dados binários. Como o marcador ISSR é dominante, assumiu-se que cada banda representa o fenótipo em um loco bialélico (Williams et al., 1990). A partir da matriz binária foi calculado o número total de bandas a porcentagem de polimorfismo.

A estimativa de dissimilaridade genética entre cada par de indivíduos foi calculada por meio do coeficiente de Jaccard, e com base na matriz gerada pelo índice de Jaccard foi construído um dendrograma, por meio do método de agrupamento da distância média (UPGMA) utilizando o programa GENES (Cruz, 2013).

Este projeto não teve acesso ao conhecimento tradicional. A atividade envolveu apenas acesso ao patrimônio genético. O projeto está registrado no Sisgen (número de registro A3DF14E).



Resultados e Discussão

Os oito primers de ISSR utilizados amplificaram 57 *locus* nas 17 etnovariedades de mandioca avaliadas. A quantidade de bandas por primer teve como média 7,12 bandas. Os marcadores revelaram um total de 80,7% de polimorfismo (46 bandas de 57), com média de 5,75 % fragmentos polimórficos por primer, evidenciando a existência de alta variabilidade genética entre os genótipos avaliados.

Os valores de dissimilaridade genética variaram de 0,05 a 0,61. As etnovariedades menos dissimilares geneticamente foram SP 2 (*Mandioca pão*) e SP 5 (*Branquinha*), e as mais distantes geneticamente foram SP 6 (*Não identificada*) e SP 13 (*Pão legítima*).

O resultado obtido pelo método de agrupamento UPGMA com as 17 etnovariedades de mandioca, utilizando ponto de corte de 84,43% de acordo com Mogená (1977), permitiu a formação de três principais grupos (Figura 1).

O grupo I (GI) foi formado por quinze etnovariedades (SP2; SP5; SP4; SP9; SP1; SP8; SP14; SP15; SP11; SP3; SP7; SP10; SP16; SP12; SP;13) das 17 avaliados (88,24%). Neste grupo encontram-se as duas etnovariedades mais similares (SP2 e SP5), porém há variabilidade genética dentro do grupo, uma vez que se observa a formação de subgrupos dentro deste grupo (Figura 1). As etnovariedades SP17 e SP6 destacaram-se dos demais permanecendo em grupos únicos, grupo II (GII) e grupo III (GIII), respectivamente. Vale ressaltar que tais mandiocas são provenientes do Tabaporã e Peixoto de Azevedo respectivamente, obtidas de trocas entre os agricultores.

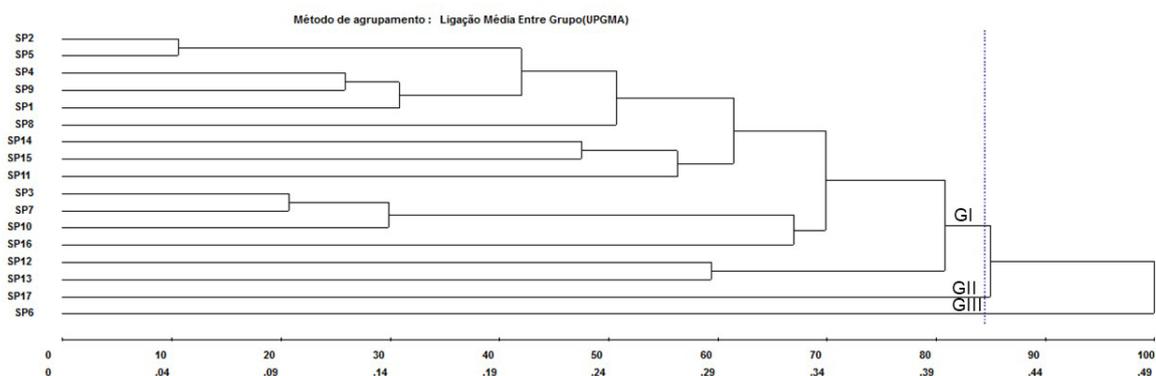


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método UPGMA para o coeficiente de Jaccard, em 17 etnovariedades de mandioca com base em marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*). Correlação cofenética (CCC) 0,88.

O resultado dos agrupamentos indica que há diversidade genética mantida na roça dos agricultores. Segundo Oler (2012), devido ao processo de troca de materiais esse intercambio acontece entre agricultores de diferentes comunidades, municípios e até entre diferentes estados.



Conclusão

Há diversidade genética no acervo de mandiocas mantido pelos agricultores periurbanos, o que evidencia que a conservação *on farm* é responsável pela manutenção da variabilidade. As ações de políticas públicas devem considerar o papel da agricultura de pequena escala na conservação dos recursos genéticos.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao BNDES-Fundo da Amazônia, o senhor Beno Kaiser da prefeitura municipal de Sinop e aos agricultores da estrada Nanci.

Referências

- BARTH, S.; MELCHINGER, A. E.; LÜBBERSTEDT, T. Genetic diversity in *Arabidopsis thaliana* L. Heynh. Investigated by cleaved amplified polymorphic sequence (CAPS) and inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. **Molecular Ecology**, v. 11, n. 3, p. 495-505, 2002.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes**: biometria. Viçosa: UFV, 2006.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, n. 1, p.13-15, 1990.
- HERSHEY, C. H. Cassava breeding-CIAT headgunters. In: HOWELER, R. H., KAWANO, K. (Ed.). SYMPOSIUM OF THE INTERNATIONAL SOCIETY FOR TROPICAL ROOT CROPS, 8., 1988, Bangkok. **Proceedings...** Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1988.
- OLER, J. R. L. **Conservação da agrobiodiversidade por agricultores de pequena escala em Mato Grosso-Brasil**. 2012. 94 f. Dissertação (Mestrado em Biologia Vegetal) – Universidade Estadual Paulista, Rio Claro.
- SILVA, K. V. P.; ALVES, A. A. C.; MARTINS, M. I. G.; MELO, C. A. F. M.; CARVALHO, R. Variabilidade genética entre acessos do gênero *Manihot* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 9, p. 1082-1088, 2011.
- WILLIAMS, J. G. K.; KUBELIK, A. R.; LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, S. V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic acids research**, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, 1990.