

# INFERÊNCIAS SOBRE A VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE BANANEIRA POR MEIO DE MARCADORES SSR

Larissa Santos Oliveira<sup>1</sup>; Valquiria Martins Pereira<sup>2</sup>; Juliana Leles Costa<sup>1</sup>; Claudia Fortes Ferreira<sup>3</sup>; Sebastião de Oliveira e Silva<sup>4</sup>; Edson Perito Amorim<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Graduação em Ciências Biológicas, UFRB. Cruz das Almas-BA. E-mail: lallahy@hotmail.com; julianaleles\_17@hotmail.com

<sup>2</sup> Mestranda em Ciências Agrárias, UFRB. Cruz das Almas-BA. E-mail: vaumarpe@hotmail.com

<sup>3</sup> Pesquisador(A) Dr. Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical. Cruz das Almas-BA. E-mail: edson@cnpmf.embrapa.br; claudiaf@cnpmf.embrapa.br

<sup>3</sup> Mestranda em Ciências Agrárias, UFRB. Cruz das Almas-BA. E-mail: vaumarpe@hotmail.com

<sup>4</sup> Bolsista CNPq, Cruz das Almas-BA. E-mail: ssilva@cnpmf.embrapa.br

## INTRODUÇÃO

O Brasil é o quarto produtor mundial de banana, tendo produzido 7,0 milhões de toneladas em 2008, em uma área aproximada de 500 mil hectares (FAO, 2010).

A falta de variedades comerciais de banana que sejam produtivas, com porte adequado e resistentes às principais pragas, constituem-se em fatores limitantes da cultura, sendo uma estratégia para a solução deste problema o desenvolvimento de cultivares mediante programas de melhoramento genético (Donato et al., 2006). As cultivares mais difundidas no Brasil são Maçã, Prata, Pacovan, Prata-Anã, Mysore, Terra e D'Angola, pertencentes ao grupo genômico AAB, e Nanica, Nanicão e Grand Naine, do subgrupo Cavendish, utilizadas principalmente para exportação.

A caracterização agrônômica e a estimativa da variabilidade genética disponível para o melhoramento são informações úteis, tanto na escolha de genitores para cruzamentos entre genótipos divergentes quanto para explorar a heterose.

Vários marcadores moleculares, em especial microssatélites têm sido amplamente utilizados na estimativa da variabilidade genética, na escolha de genitores e em estudos filogenéticos em bananeira. O objetivo deste trabalho foi estimar a variabilidade genética entre 21 cultivares comerciais de bananeira, por meio de marcadores moleculares microssatélites.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 21 cultivares de bananeira disponíveis para cultivo pelos agricultores e registradas no RNC/MAPA. Informações sobre cada genótipo encontram-se na (Tabela 1).

**Tabela 1** – Cultivares de bananeira disponíveis para cultivo pelos agricultores e registradas no RNC/MAPA. Cruz das Almas, 2010.

| Cultivares   | Descrição                                                         |
|--------------|-------------------------------------------------------------------|
| Preciosa     | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Pacovan e o diplóide M53     |
| Japira       | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Pacovan e o diplóide M53     |
| Vitória      | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Pacovan e o diplóide M53     |
| Garantida    | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Prata São Tomé e M53         |
| Grand Naine  | Triplóide (AAA), pertencente ao subgrupo Cavendish                |
| FHIA-01      | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Prata Anã e SH3142           |
| FHIA-18      | Tetraplóide (AAAB), cruzamento de Prata Anã com SH3263            |
| Prata Anã    | Triplóide (AAB), mutante de Prata Comum                           |
| Pacovan      | Triplóide (AAB), mutação de prata Comum                           |
| Pacovan Ken  | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Pacovan e o diplóide M53     |
| Tropical     | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Yangambi nº2 e M53           |
| Prata Graúda | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre 'Prata Anã' e SH33-93        |
| Thap Maeo    | Triplóide (AAB), variante da Mysore                               |
| FHIA-02      | Tetraplóide (AAAA), cruzamento entre Willians e o diplóide SH3393 |
| Mysore       | Triplóide (AAB)                                                   |
| Princesa     | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Yangambi nº2 com M53         |
| FHIA-21      | Plátano tipo francês                                              |
| Pioneira     | Tetraplóide (AAAB)                                                |
| Caprichosa   | Tetraplóide (AAAB), cruzamento entre Prata Comum e M53            |
| Prata Baby   | Triplóide (AAA) originário da Tailândia                           |
| Caipira      | Triplóide (AAA) cultivar (África Ocidental)                       |

Um total de 08 *primers* foram utilizados, seis da série AGMI desenvolvidos por Lagoda et al. (1998) e dois da série MaOCEN obtidos por Creste et al. (2006) (Tabela 2).

**Tabela 2.** Locos microssatélites SSR, seqüência repetida, número de alelos e conteúdo de informação de polimorfismo (PIC). Cruz das Almas, 2010.

| Locos SSR     | Repetição (F/R)                                | Alelos | PIC  |
|---------------|------------------------------------------------|--------|------|
| AGMI103/104   | acagaatcgtaaccctaactcctca/cccttgcggtgccctaa    | 3      | 0,68 |
| AGMI187/188   | gcaacttggcagcatttt/tgatggactcatgtgtacctactat   | 3      | 0,62 |
| AGMI101/102   | tcagttgacaaacccacaca/ttggaaggaaaataagaagataga  | 2      | 0,49 |
| AGMI 105/108  | tccaaccctgcaaccact/atgacctgctgaacatcctt        | 4      | 0,55 |
| AGMI95/96     | actattccccgcactcaa/actctgcccattctcatcc         | 2      | 0,37 |
| AGMI127/128   | aagtaggrcaagatagtggtt/ctttgcaccagttgtagg       | 2      | 0,37 |
| MaOCEN13R/13F | gctgctattttgtccttggtg/cttgatgctgggattctgg      | 5      | 0,74 |
| MaOCEN10R/10F | ggaagaaagaagtggagaatgaa/tgaaatggataaggcagaagaa | 4      | 0,60 |
| Média         |                                                | 2,62   | 0,60 |

O DNA genômico foi extraído de folhas jovens, utilizando o método CTAB (Doyle & Doyle, 1990). As reações de amplificação via SSR's foram completadas para o volume final de 13 µL, contendo: KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), MgCl<sub>2</sub> 2,5 mM, 100 µM de cada um dos dNTPs (dATP, dTTP, dGTP, dCTP), 0,2 µM de cada *primer*, 50 ng de DNA

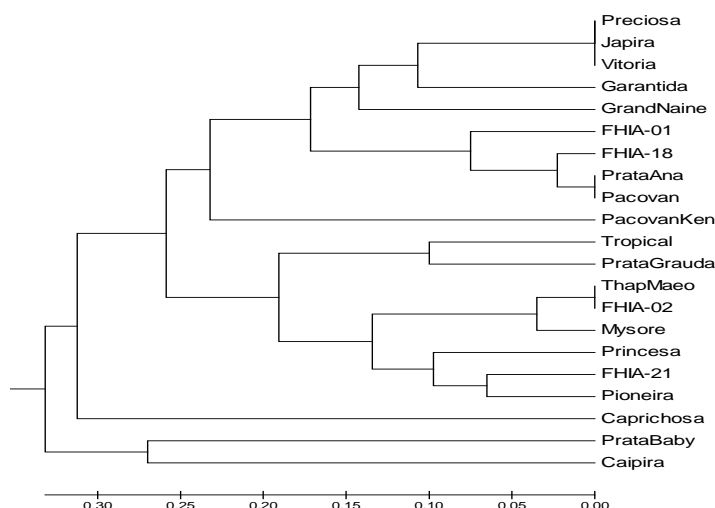
genômico e uma Unidade de *Taq* DNA polimerase. As amplificações foram conduzidas em termociclador Perkin Elmer modelo 9700, empregando-se o esquema de *touchdown* com ciclo inicial de 3 min a 94° C, seguido de 40 s a 94° C, 40s a 55° C, reduzindo um grau a cada ciclo, 1 min a 72° C, num total de 10 ciclos, seguido de 25 ciclos de 40s a 94° C, 40s a 45° C e 60s a 72° C.

Os fragmentos foram separados em géis de agarose a 3% (invitrogen) e os produtos da amplificação foram corados com brometo de etídeo para visualização dos alelos. Os fragmentos amplificados foram avaliados como ausência (0) e presença (1). A similaridade genética entre todos os 21 genótipos foi calculada a partir do coeficiente de Jaccard. As similaridades genéticas foram utilizadas para fazer o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA por meio do software NTSYS-pc (Rohlf, 2000).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número de alelos obtidos foi de 21, com média de 2,62 alelos por *primer*. O maior número de alelos foi identificado no *primer* MaOCEN 13 (5 alelos) e o menor número nos *primers* AGMI101/102, AGMI 95/96 e AGMI127/128 (2 alelos). O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variou de 0,68 para o *primer* AGMI 187/188 a 0,74 para o *primer* MaOCEN 13, com média de 0,60 (Tabela 2).

O dendrograma das similaridades genéticas baseada em SSR, obtido pelo método UPGMA, encontra-se na Figura 1.



**Figura 1.** Similaridade genética entre 21 cultivares de bananeira, obtida a partir do coeficiente de Jaccard, com base nos marcadores microssatélites. Cruz das Almas, 2010.

Neste trabalho, foi possível observar o agrupamento entre cultivares com base em sua genealogia, entre elas os híbridos Preciosa, Japira e Vitória, do grupo AAAB (híbridos

obtidos a partir do cruzamento entre Pacovan e do diplóide M53). A presença da cultivar Garantida junto a esse grupo justifica-se em razão de todos os híbridos compartilharem do mesmo genitor masculino, o diplóide M53.

As cultivares FHIA 01 e FHIA 18 agruparam juntas, provavelmente devido ao grau de parentesco, uma vez que ambos são híbridos de Prata Anã. Resultado semelhante foi observado entre as cultivares Prata Anã e Pacovan, dois mutantes de Prata Comum.

As cultivares Thap Maeo e Mysore agruparam juntas, fato justificável em função da 'Thap Maeo' ser uma mutação de Mysore.

Pelos resultados é possível inferir sobre a existência de variabilidade genética entre os cultivares comerciais de banana, fato que permite o uso deste germoplasma em programas de melhoramento visando o desenvolvimento de novos híbridos de bananeira.

## CONCLUSÕES

1. Os marcadores SSR detectam variabilidade genética em bananeira.
2. O germoplasma avaliado possui variabilidade suficiente para o melhoramento genético da fruteira.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Rockville, v.12, n.1, p.13-15, 1990.
- DONATO, S.L.R.; SILVA, S.O.; LUCCA FILHO, O.A.; LIMA, M.B.; DOMINGUES, H.; ALVES, J.S. Correlação entre caracteres da planta e do cacho em bananeira (*Musa spp*). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras – MG: UFLA, v. 30, n. 1, p. 21-30, Jan/Fev., 2006.
- FAO. **Food and agriculture organization of the United Nations**. Acessado em: 31/03/2010. Disponível em<[faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx? PageID=567](http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567)>
- ROHLF, F.J. **NTSYS-PC**: numerical taxonomy and multivariate analysis system. New York: Exeter Software, 2000. 38p. (Version 2.1).