

VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MANDIOCA AMARELA COLETADAS NA AMAZÔNIA

Girena Fernandes Ramalho¹, Elisa Ferreira Moura², João Tomé de Farias Neto³, Lígia Cristine Gonçalves Pontes⁴

¹ Estudante de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Bolsista ITI/CNPq, girenaufpa@yahoo.com.br

² Pesquisadora A, Embrapa Amazônia Oriental, <u>elisa@cpatu.embrapa.br</u>

³ Pesquisador A, Embrapa Amazônia Oriental, tome@cpatu.embrapa.br

Resumo: A Amazônia brasileira é conhecida como fonte de variabilidade genética da mandioca. Além disso, costumes locais privilegiaram a conservação de materiais com raiz amarela, rico em carotenóides. O objetivo deste trabalho foi caracterizar uma amostra dos acessos de raiz amarela presentes no BAG da Embrapa Amazônia Oriental. Foram selecionados 18 acessos de mandioca pertencentes ao BAG, sendo 14 materiais com raiz amarela e quatro com raiz branca, por meio de sete locos microssatélites. Todos os locos foram polimórficos, sendo obtido um total de 42 alelos, com média de seis alelos por loco. Quando se avaliou somente as mandiocas amarelas, foram amplificados 36 alelos, com média de 5,12 alelos por loco. A diversidade genética, medida pela heterozigosidade esperada para o grupo das mandiocas amarelas foi de 0,62. O dendrograma não mostrou separação de grupos para as mandiocas, de raiz amarela e raiz branca. No geral, observou-se que é grande a variabilidade genética existente para os materiais de raiz amarela mantidos no BAG da instituição.

Palavras-chave: banco de germoplasma, *Manihot esculenta*, diversidade genética, marcadores moleculares

Introdução

Entre os diversos e importantes componentes da mandioca (*Manihot esculenta*), como amido, açucares e minerais, estão os carotenóides, que conferem a raiz coloração de amarela a laranja. Esforços estão sendo feitos para gerar macaxeiras biofortificadas, ou seja, materiais de mandioca que podem ser consumidos com pouco processamento e que contenham maior quantidade de carotenóides. A região Norte, além de ser considerada região de origem da mandioca, também é conhecida pela grande diversidade de produtos que os agricultores locais podem gerar a partir desta raiz. Entre esses produtos está o tucupi, que é o resíduo líquido do processamento da mandioca após o processo de

⁴Estudante de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Bolsista Embrapa, lilikbiologia@hotmail.com



fermentação. Os consumidores preferem tucupi de coloração amarela e, igualmente, é dada preferência a farinha de coloração amarela na região Norte. Esses costumes possivelmente influenciaram a maior conservação de mandiocas de raiz amarela na região, com consequente possível maior variabilidade.

O Banco de Germoplasma de Mandioca da Embrapa Amazônia Oriental representa a base do programa de melhoramento genético para o Estado do Pará, pois é a partir das avaliações dos materiais nele contidos que selecionam-se materiais para testes mais avançados. A base do BAG da Instituição é composta por materiais coletados em propriedades de agricultores familiares, principalmente no Pará.

O objetivo deste estudo foi analisar a variabilidade genética de 18 acessos de mandioca do banco de germoplasma da Embrapa Amazônia oriental, utilizando marcadores microssatélites, para verificar a ocorrência de variabilidade de acessos de raiz amarela presentes no BAG.

Material e Métodos

Foram selecionados 18 acessos do Banco de Germoplasma de Mandioca da Embrapa Amazônia Oriental, dos quais 14 possuem raiz amarela e quatro possuem raiz branca (Tabela 1). O trabalho foi realizado no Laboratório de Genética Molecular da instituição. A extração de DNA seguiu o protocolo de DOYLE & DOYLE (1990), com modificações. O DNA foi quantificado em gel de agarose a 1% usando DNA lambda em diferentes concentrações como padrão. Na amplificação do DNA, foram utilizados sete *primers* de microssatélites de mandioca: SSRY20, SSRY21, SSRY09 e SSRY164, desenvolvidos por *Mba et al.* (2001) e GA131, GA126 e GA21, desenvolvidos por *Chavarriaga*-Aguirre *et al.* (1998). As reações de PCR e as condições de amplificação foram baseadas em *Mba et al* (2001) com modificações. Os produtos da reação foram aplicados em gel de poliacrilamida a 6% corado com nitrato de prata. As imagens dos géis foram armazenadas digitalmente. Foi realizada a interpretação visual dos géis, onde cada *primer* representou um loco e cada banda com diferente padrão de migração nos géis foi considerada um alelo. As análises foram realizadas no programa Genes (CRUZ, 2001) considerando o índice ponderado para marcadores codominantes/multialélicos para obtenção das dissimilaridades. A matriz de dissimilaridades foi utilizada para gerar o dendrograma pelo método UPGMA.

Resultados e Discussão

Os sete *primers* avaliados amplificaram 42 alelos, com média de 6,0 alelos/loco e variação de seis a oito locos por *primer*. Ao se considerar somente as mandiocas com raiz amarela, foram



amplificados 36 alelos, com média de 5,14 alelos/loco. A heterozigosidade esperada média foi de 0,65, com variação de 0,75 (GA126) a 0,47 (GA21). Ao se considerar somente os materiais com raiz amarela, a heterozigosidade esperada média foi de 0,62.

Tabela 1. Dados dos acessos de mandioca coletados para análise de diversidade genética com marcadores microssatélites

Código no BAG	Nome comum	Cor da raiz	Local de coleta
CPATU 465	Ouro Preto Acará	Amarela	Acará, PA
CPATU 475	Amarelita Curuçá	Amarela	Curuçá, PA
Sem id	Amarelita	Amarela	Igarapé-Açu, PA
Sem id	Jaboti Ig. Açu	Amarela	Igarapé-Açu, PA
Sem id	Amarela ramificada	Amarela	Igarapé-Açu, PA
CPATU 191	Tucumã	Amarela	Pedra Branca do Amapari, AP
CPATU 160	Xingu	Amarela	Bragança, PA
CPATU 010	Itaúba	Amarela	Portel, PA
CPATU 140	Amarela tóxica	Amarela	Tabatinga, AM
CPATU 348	Surubim	Amarela	Santarém, PA
Sem id	Manaza	Amarela	Paragominas, PA
CPATU 372	Bolão amarelo	Amarela	Abaetetuba, PA
CPATU 345	Passarinhão 42	Amarela	Santarém, PA
CPATU 372	Branquinha	Branca	Moju, PA
CPATU 444	Ouro Preto	Amarela	Terra Alta, PA
Sem id	Inha	Branca	Paragominas, PA
CPATU 229	Chico Vara	Branca	Nova Timboteua, PA
CPATU 399	Chico Vara	Branca	Castanhal, PA

As dissimilaridades genéticas variaram de 0,0 a 0,94. A dissimilaridade 0,0 foi encontrada entre dois acessos com o mesmo nome (Amarelita), porém coletados em locais distintos. Possivelmente, esses materiais possuem o mesmo genótipo, confirmando o fato de pertencerem a mesma variedade. O valor de divergência mais alto ocorreu entre uma variedade de raiz amarela e uma de raiz branca. Entretanto, o dendrograma (Figura 1) não mostrou separação entre as variedades amarelas e as brancas. O dendrograma (CCC=0,73**) mostra as relações entre variedades presentes no BAG de mandioca da Embrapa Amazônia Oriental, e pode auxiliar na seleção de genitores. Curiosamente, dois acessos com o nome Ouro Preto não foram idênticos. Segundo EMPERAIRE & PERONI (2007), algumas etnovariedades são compostas por mais de um genótipo, em virtude dos agricultores serem menos criteriosos na distinção das variedades. O mesmo foi observado para dois acessos com o nome Chico Vara.

No geral, verificou-se que existe há grande variabilidade de mandiocas de raiz amarela no banco de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental, dando suporte ao melhoramento genético visando variedades de polpa amarela para a produção de farinha ou tucupi e futuros cruzamentos para biofortificação de macaxeiras.



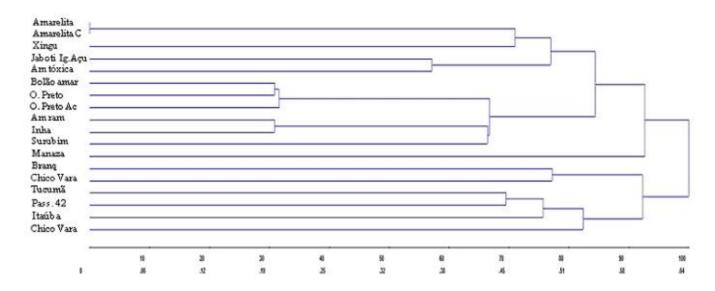


Figura 1. Dendrograma obtido a partir das dissimilaridades genéticas entre 18 acessos de mandioca, obtidos com sete locos microssatélites, contendo 14 materiais com raiz amarela e quatro com raiz branca.

Conclusões

No geral, verificou-se que há grande variabilidade de mandiocas de raiz amarela no banco de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental, dando suporte ao melhoramento genético visando variedades de polpa amarela para a produção de farinha ou tucupi e futuros cruzamentos para biofortificação de macaxeiras.

Referências Bibliográficas

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. **Genética teórica e aplicada**, v.97, p.493-501, 1998.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Editora UFV, Viçosa, 648p, 2001.

DOYLE, J.J; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus, v.12:, p.3-15, 1990.

EMPERAIRE, L.; PERONI, N. Traditional management of agrobiodiversity in Brazil: a case study of manioc. **Ecologia humana**, v. 35, p.761-768, 2007.

MBA, R.E.C.; STEPHENSON, P.; EDWARDS, K.; MELZER, S.; NKUMBIRA, J.; GULLBERG, U.; APE, K.; GALE, M.; TOHME, J.; FREGENE, M. (2001) Simple sequence repeats (SSR) markers survey of the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genome: towards an SSR-based molecular genetic map. **Genética teórica e aplicada**, v.102, p.21-31, 1998.