

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE DIPLOIDES DE BANANA QUANTO AO DESPENCAMENTO DOS FRUTOS  
GENETIC VARIABILITY IN DIPLOID BANANAS WITH DIFFERENT LEVELS OF FINGER DROP

Marciene Amorim Rodrigues<sup>1</sup>, Edson Perito Amorim<sup>2</sup>, Claudia Fortes Ferreira<sup>3</sup>, Cíntia Paula Feitosa Souza<sup>4</sup>

SUMMARY

The objective of the present work was to estimate the genetic variability of banana diploids with contrasting resistance to fingerdrop. One hundred and nine alleles with an average of 5.45 alleles per primer was obtained. Primer Ma 3/103 was considered highly polymorphic with 0.87 PIC value. The genotypes were clustered according to their fingerdrop resistance pattern.

**Key words:** contrasting resistance, alleles, Primer Ma 3/103.

INTRODUÇÃO

O despencamento natural dos frutos maduros é um dos graves problemas dos programas de melhoramento genético de bananeira relacionado a qualidade do fruto. O desprendimento individual dos frutos é uma desordem fisiológica associada ao amadurecimento (1), que resulta em alta perecibilidade pós-colheita. Vários estudos evidenciaram que a suscetibilidade ao despencamento dos frutos varia entre as cultivares, sendo que a presença do genoma B (*M. balbisiana*) propicia maior resistência ao despencamento, ao contrário da presença do genoma A (*M. acuminata*) (2). O objetivo deste trabalho foi estimar a variabilidade genética de diploides de bananeira com diferentes padrões de resistência ao despencamento dos frutos.

MATERIAL E MÉTODOS

Quinze genótipos incluindo diploides cultivados, selvagens e híbridos melhorados, que apresentam variação quanto à resistência ao despencamento natural dos frutos (Tabela1), foram avaliados. O DNA genômico foi extraído de folhas jovens, com uso do método CTAB (3). As amplificações foram conduzidas em termociclador Applied Biosystems, conforme descrito por Roque (2012) (4), utilizando 20 iniciadores SSR. A genotipagem foi realizada com base no número de pares de base de cada fragmento. Para a estimativa das frequências alélicas, conteúdo de informação polimórfica (PIC) e número de alelos por loco, utilizou-se o programa PowerMarker versão 3.25 (5).

Tabela 1. Grupo genômico (GG), genealogia, resistência ao despencamento (RDP).

Nome	GG	Genealogia	RDP
BB França	BB	Diploide	Resistente
Butuhan	BB	Diploide	Resistente
028003-01	AA	Híbrido	Resistente
Khai nai on	AA	Cultivar	Resistente
Híbrido AB	AB	Híbrido	Media
Ouro	AA	Cultivar	Media
Tjau Lagada	AA	Cultivar	Media
TH0301	AA	Híbrido	Media
Jary Buaya	AA	Cultivar	Media
Jaran	AA	Híbrido	Media
Lidi	AA	Cultivar	Suscetível
M53	AA	Híbrido	Suscetível
Calcutta	AA	Diploide	Suscetível
013004-04	AA	Híbrido	Suscetível
017041-01	AA	Híbrido	Suscetível

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 20 iniciadores microssatélites avaliados, obteve-se 109 alelos, com média de 5,45 alelos por primer. O menor número de alelos por loco foi observado para os primers AGMI 103/104 e MARS 148 (2 alelos) e o maior para o primer Ma 3/103 (11 alelos). O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variou de 0,16 a 0,87; com média de 0,59 para os primers AGMI 103/104 e Ma 3/103, respectivamente. Marcadores com valores de PIC superiores a 0,5 são considerados muito informativos (6). Segundo essa classificação, o iniciador Ma 3/103 foi considerado altamente polimórfico. Neste trabalho, foi possível observar que os agrupamentos formados apresentaram certa concordância entre os genótipos e os seus respectivos padrões de resistência ao despencamento: resistente, medianamente e suscetível. Os genótipos silvestres BB França e Butuhan, pertencentes ao grupo genômico BB, formaram o G1. O genótipo Lidi, suscetível ao despencamento, agrupou-se isoladamente. As cultivares Jary Buaya e Ouro, ambas medianamente resistentes, formaram o G3. Observou-se o maior agrupamento de genótipos suscetíveis (Calcutá, 013004-04 e M 53) no G4. Nesse mesmo grupo pode-se observar dois genótipos medianamente suscetíveis (Jaran e TH 301). O G5, apesar de mostrar-se o grupo mais heterogêneo, agrupando dois genótipos resistentes (028003-01, khai nai on), dois medianos (Híbrido AB, Thau Lagada) e um suscetível (017041-01), agrupou todos os genótipos resistentes do grupo genômico AA (figura1).

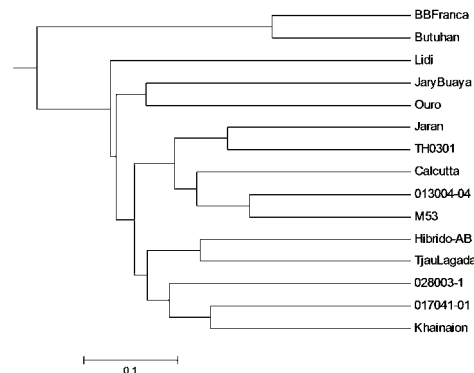


Figura 1. Dendrograma gerado pelo Powermarker, Cruz das Almas, 2013.

CONCLUSÕES

Os marcadores SSR são eficientes para agrupar genótipos de acordo com os grupos genômicos A e B, possibilitando - se fazer inferências sobre o grau de despencamento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. IMSABAI, W. *Postharvest Biology and Technology*, v.39, p. 211-216, 2006.
2. IMSABAI, W.. *Thai Journal of Agricultura Science*, v. 40, n. 3-4, p. 127 – 132, 2007.
3. DOYLE, J.J. *Focus*, v.12, p.13-15, 1990.
4. ROQUE, R. L. ; In: *XXII Congresso Brasileiro de Fruticultura*, 2012, Bento Gonçalves - RS. XXII Congresso Brasileiro de Fruticultura, 2012.
5. LIU, K.; *Bioinformatics*, v.21, p.2128- 2129, 2005.
6. BOTSTEIN, D. *American Journal of Human Genetics*, v.32, p.314-331, 1980.

<sup>1</sup>Bióloga, Estudante de doutorado, UEFS, Feira de Santana - BA, 44036-900, Telefone (75)9221-0819, marciene.amorim@yahoo.com.br

<sup>2</sup>Engº Agrônomo, Dr., pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas – BA, 44380-000, Telefone (75) 33128058, edson.amorim@embrapa.br

<sup>3</sup>Engº Agrônoma, Drª., pesquisadora da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas – BA, 44380-000, Telefone (75) 3312806, claudia.ferreira@embrapa.br

<sup>4</sup>Estudante de Engº Agrônoma, UFRB, Cruz das Almas – BA, 44380-000, Telefone (75) 9125-0225 cintiapaula\_2006@hotmail.com