

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



19º Seminário de
Iniciação Científica e
3º Seminário de Pós-graduação
da Embrapa Amazônia Oriental

ANNAIS 2015

19 a 20 de agosto

Embrapa Amazônia Oriental
Belém, PA
2015



DISTRIBUIÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE BACURIZEIRO COLETADAS NA ILHA DO MARAJÓ, PA, POR MEIO DE AMOVA

Lígia Cristine Gonçalves Pontes¹, Elisa Ferreira Moura Cunha², José Edmar Urano de Carvalho³

¹ Bolsista CNPQ/ATP-A- Embrapa Amazônia Oriental, Laboratório de Genética, lilikbiologia@hotmail.com

² Pesquisador Embrapa Amazônia Oriental, Laboratório de Genética, elisa.moura@embrapa.br

³ Pesquisador Embrapa Amazônia Oriental, Laboratório de Fruticultura, jose.urano-carvalho@embrapa.br

Resumo: O bacurizeiro (*Platonia insignis* Mart.) é uma espécie frutífera nativa da Amazônia muito utilizada na cultura alimentar nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. Devido a seu grande potencial econômico para as regiões, a espécie vem sendo conservada em Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) a fim de se conhecer a variabilidade conservada. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi verificar a distribuição da variabilidade genética em progênies de bacurizeiro pertencentes ao BAG da Embrapa Amazônia Oriental por meio de marcadores ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) utilizando a análise de variância molecular (AMOVA). Foram coletadas 78 amostras de bacurizeiro pertencentes a 16 progênies, onde sete foram coletadas no município de Soure e nove em Salvaterra, ambas regiões na Ilha do Marajó. Os 78 indivíduos foram genotipados com 23 primers ISSR pré-selecionados. Obteve-se 121 produtos amplificados, dos quais 52 foram polimórficos. Verificou-se que a maior porção da variabilidade genética está dentro de progênies (94%) ou de locais de coleta (98%), com baixa diferenciação genética entre progênies e entre locais de coleta de bacurizeiro. Dessa forma, pode-se concluir que os marcadores moleculares ISSR detectam variabilidade genética em bacurizeiro.

Palavras-chave: banco de germoplasma, ISSR, *Platonia insignis* Mart

Introdução

O bacurizeiro (*Platonia insignis* Mart.) é uma espécie frutífera brasileira nativa da Amazônia. É muito utilizada na cultura alimentar na região Norte e Nordeste do Brasil de diversas formas, como sucos, doces, sorvete, geléias, licores e in natura (HOMMA et al., 2010).

Muitos trabalhos morfológicos de bacurizeiros são encontrados na literatura, porém trabalhos com marcadores moleculares ainda são escassos e os acessos do BAG da Embrapa Amazônia Oriental ainda não possuem um trabalho de caracterização genética com marcadores moleculares. Trabalho



similar foi realizado por Souza et al. (2013) com BAG de Bacurizeiro da Embrapa Meio Norte utilizando os mesmos marcadores moleculares ISSR.

O ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) é um marcador dominante que amplifica regiões entre microssatélites, sendo utilizados na estimativa da diversidade e estrutura genética populacional, sendo ótimos indicadores para estudos de populações onde a caracterização molecular ainda é pouco conhecida, como no caso do bacurizeiro.

Dessa forma o objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre e dentro de acessos de bacurizeiro (*P. insignis*) do BAG da Embrapa da Amazônia Oriental, localizada no Campo Experimental de Quatro Bocas, Tomé-Açú, PA, por meio de marcadores ISSR.

Material e Métodos

Foram coletadas 78 amostras de bacuri pertencentes às 16 progênies distintas coletadas na Ilha do Marajó, PA, sendo sete em Soure e nove em Salvaterra. As plantas estão sediadas em Tomé-Açú, no Campo Experimental de Quatro Bocas da Embrapa da Amazônia Oriental. As folhas de bacuri foram levadas ao Laboratório de Genética Molecular da Embrapa Amazônia Oriental em Belém, Pará, onde teve o DNA extraído segundo o método Doyle e Doyle (1990). O DNA extraído foi submetido a uma eletroforese em gel de agarose à 1% corado com brometo de etídio para a quantificação. O DNA foi diluído a uma concentração de 10ng/μl no volume de 100μl. Foram selecionados 23 primers UBC previamente selecionados por Souza et al. (2013) (Tabela 1) e foi feito a PCR com volume total de 20μl com 78 amostras do material extraído em seguida submetido à eletroforese horizontal em gel de agarose à 1,5 % corado com brometo de etídio.

As imagens foram visualizadas em transiluminador de luz ultravioleta e capturadas digitalmente, posteriormente foram estudadas e cada banda com o mesmo padrão de mobilidade foi considerada pertencente ao mesmo loco. Os dados foram analisados no programa GENALEX. Foram utilizadas duas abordagens: primeiro, foi realizada a análise entre e dentro das dezesseis progênies. Posteriormente, foram analisados os indivíduos de acordo com as origens das progênies, baseando-se em seus locais de coleta, Salvaterra ou Soure, ambas na Ilha do Marajó, estado do Pará.



Resultados e Discussão

Foram 121 locos amplificados com 23 primers selecionados, sendo a média de 5,0 bandas por primer. Entre os locos amplificados, 52 foram polimórficos, e a média de polimorfismo foi de 2,32 bandas por primers.

Pela AMOVA, obteve-se coeficiente de diferenciação genética entre progênes $\Phi_{ST} = 0,05$ ($P \geq 0,001$), com 6% de variação total entre as progênes e 94% da variação genética foi encontrada dentro de progênes de bacurizeiros coletados na Ilha do Marajó. Considerando os locais de coleta, a diferenciação foi menor, $\Phi_{ST} = 0,025$ ($P \geq 0,013$), com 2% de variação total entre os locais de coleta e 98% dentro dos locais de coleta.

Souza et al. (2013) encontraram alta diversidade genética dentro de populações de bacurizeiro da Embrapa Meio-Norte (71,82%) em relação à variabilidade entre populações (28,18%). Deve-se levar em consideração que neste trabalho, Souza et al. (2013) obtiveram uma abrangente área de coleta desses materiais.

Tabela 1. Análise da variância molecular (AMOVA) considerando estruturação genética entre e dentro de progênes e entre e dentro de locais de coleta das 16 progênes de bacurizeiro genotipadas com marcadores ISSR.

Fonte de variação	GL	Variância	Varição (%)	P	Φ_{ST}
Entre progênes	15	0,31	6	0,001	
					0,064
Dentro de progênes	62	0,452	94		
Total	77				
Entre locais de coleta	1	0,067	2	0,013	
Dentro de locais de coleta	76	2,67	98		0,025
Total	77	2,74	100		



Conclusão

Os marcadores moleculares ISSR detectam variabilidade genética em bacurizeiro. Há maior variabilidade dentro de progênies de bacurizeiros do banco de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental, bem como dentro de acessos do mesmo local de coleta detectada por marcadores moleculares ISSR. Em consequência, há baixa diferenciação entre progênies, bem como entre locais de coleta dos acessos do BAG.

Referências Bibliográficas

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1990.

HOMMA, A. K. O.; CARVALHO, J. E. U.; MENEZES, A. J. E. A. Bacuri: fruta amazônica em ascensão. **Ciência Hoje**, v. 46, p. 40-45, 2010.

SOUZA, I. G. B.; SOUZA, V. A. B.; LIMA, P. S. C. Molecular characterization of *Platonia insignis* Mart. (Bacurizeiro) using inter simple sequence repeat (ISSR) markers. **Molecular Biology Reports**, v. 40, p. 3835-3845, 2013.