



## DIVERSIDADE GENÉTICA ESTIMADA POR MARCADORES MOLECULARES EM DUAS POPULAÇÕES DE COQUEIRO GIGANTE

Tatiana Santos Costa<sup>1\*</sup>; Paulo Sérgio N. dos Santos<sup>2</sup>; Lumar Lucena Alves<sup>2</sup>; Wilson Meneses Aragão<sup>1</sup>; Semíramis Rabelo R. Ramos<sup>1</sup>; Leandro Eugênio C. Diniz<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Tabuleiros Costeiros; <sup>2</sup>Universidade Tiradentes; <sup>3</sup>SOCOCO S.A. Agroindústria da Amazônia. \*E-mail do autor apresentador: [tatianaitase@gmail.com](mailto:tatianaitase@gmail.com)

O coqueiro é uma planta de grande importância, tanto para grandes quanto para pequenos produtores, uma vez que é fonte de matéria-prima para diversos produtos e subprodutos (leite, coco ralado e água), além do consumo *in natura*. Dado a região de cultivo e a expansão imobiliária, a erosão genética pode ameaçar a conservação e cultivo da espécie. Vários estudos sobre a diversidade genética são conduzidos a fim de promover informações sobre estratégias de conservação, bem como para os programas de melhoramento genético. Nesse contexto, os marcadores moleculares microssatélites (SSR) têm sido utilizados como ferramenta de apoio a estes estudos, pois permitem análises confiáveis da diversidade, devido a sua codominância, alto nível de polimorfismo e reprodutibilidade. O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética, por meio de marcadores moleculares SSR, entre duas populações de coqueiro-gigante conservadas no Banco Internacional de Coco para a América Latina e Caribe (ICG-LAC), localizado no campo experimental do Betume, Neópolis-SE, pertencente a Embrapa Tabuleiros Costeiros. Folhas jovens de 90 indivíduos de cada população (Gigante do Oeste Africano - GOA e Gigante da Polinésia - GPY) foram utilizadas para extração do DNA genômico pelo método CTAB. As amostras foram amplificadas com dois marcadores SSR e separadas por eletroforese capilar (Fragment Analyzer). A avaliação da diversidade genética foi realizada pelo software GeneALEX 6.5. Foi possível observar 11 alelos com 70% de polimorfismo. Para estas populações o número de alelos totais obtidos foi maior que o número de alelos efetivos indicando que, possivelmente, há uma distribuição desigual das frequências alélicas entre os indivíduos destas duas populações. Entretanto, os altos valores do índice de Shannon (GOA – 0,92 e GPY – 1,07) indicam alta riqueza genotípica entre as populações. Há 28 pares de indivíduos geneticamente próximos pertencentes às populações distintas. A análise de coordenadas principais possibilitou inferir que a maior parte dos indivíduos se agrupou em suas respectivas populações. As duas populações analisadas apresentam alta dissimilaridade genética, confirmando a alta diversidade do ICG-LAC encontrada em avaliações anteriores.

**Palavras-chave:** Marcadores SSR; *Cocos nucifera*; Avaliação de germoplasma.

**Agradecimentos:** Embrapa Tabuleiros Costeiros, MAPA, SOCOCO, Universidade Tiradentes e a FAPITEC-SE/CNPq.