

DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA O COQUEIRO (*Cocos nucifera* L.).

Ferreira, MA¹; Amaral, ZPS¹; Ramiro, CAS³; Silva, CRB^{1,3}; Ciampi, AY¹; Buso, GSC¹; Tupinambá, EA²; Moretzsohn, MC^{1,4}

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, C.P. 02372, Brasília, DF 70.770-900; ²Embrapa Tabuleiros Costeiros, C.P. 44, CEP 49025-040, Aracaju-SE; ³UniCEUB, Brasília, DF.

marciocm@cenargen.embrapa.br

Palavras-chave: Coco, SSR, melhoramento genético

Marcadores microssatélites ou SSR (Simple Sequence Repeats) constituem uma das técnicas mais indicadas para a análise genômica de plantas. Marcadores SSR são codominantes, abundantes, aparentemente distribuídos por todo o genoma, multialélicos, dependentes de pequena quantidade de DNA, baseados em PCR e podem ser semi-automatizados em ensaios multiplex para a produção de dados rapidamente e em larga escala. A principal desvantagem é o alto custo para desenvolvimento destes marcadores, que envolve, tipicamente, a construção de biblioteca genômica enriquecida, identificação e seqüenciamento de clones positivos, desenho de primers, seleção de primers polimórficos e caracterização da diversidade alélica. No entanto, uma vez obtidos os “primers”, os custos e a demanda de mão-de-obra são reduzidos drasticamente, aumentando a acessibilidade da técnica. O principal objetivo deste trabalho foi o de desenvolver e caracterizar marcadores microssatélites em ecótipos de coqueiro gigante e anão. Foram incluídas duas ou três amostras de cada um de seis ecótipos de anões e 13 ecótipos de gigantes brasileiros, asiáticos e africanos, além de quatro amostras de um provável novo ecótipo de anão verde, proveniente da região de Souza, na Paraíba. Dezoito primers SSR, desenvolvidos no Laboratório de Genética Vegetal, da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, foram incluídos nestas análises. Destes, quatro mostraram-se monomórficos e dois não apresentaram resoluções de bandas satisfatórias. Para os demais 12 primers, de 2 a 9 alelos por loco foram detectados, com uma média de 6,375. A heterozigosidade variou de 0,000 a 0,722, com uma média de 0,445, entre os ecótipos de gigante (alógamos), enquanto a diversidade gênica (h) variou de 0,000 a 0,500, com uma média de 0,102 entre os ecótipos de anões (autógamos). Algumas bandas específicas para cada variedade e para determinados ecótipos foram observadas nesta análise. No entanto, todos os alelos encontrados nos ecótipos anões foram também detectados nos gigantes, corroborando a hipótese de que os anões teriam-se originado a partir de populações de gigantes. Os marcadores obtidos no presente estudo, junto a outros desenvolvidos anteriormente no Laboratório de Genética Vegetal, serão incorporados imediatamente ao programa de melhoramento de coco da Embrapa e serão de grande utilidade para a orientação dos cruzamentos, selecionando genótipos parentais, visando a obtenção mais rápida e eficiente de variedades melhoradas, além de auxiliar na definição de estratégias de coleta, conservação e manejo dos recursos genéticos de coco.

Apoio financeiro: Avança Brasil