

VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE UMBUZEIRO (*Spondias tuberosa* Arr. Cam.) COM BASE EM DADOS ISOENZIMÁTICOS.

Souza, JC¹; Casali, VWD²; Bruckner, CH²; Dias, AS³; Santos, CA⁴

¹Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais, UNEB, Juazeiro-BA, ²Departamento de Fitotecnia, UFV, Viçosa-MG, ³Bioagro, UFV, Viçosa-MG, ⁴Embrapa Semi Árido, Petrolina-PE.

joselitacs@bol.com.br

Palavras-chave: umbuzeiro, variabilidade genética, isoenzimas.

O polimorfismo isoenzimático tem sido utilizado no estudo da variabilidade e estrutura genética de populações naturais, permitindo análise rápida de grande número de amostras a um custo relativamente baixo. Este trabalho teve como objetivo quantificar a variabilidade genética em duas populações naturais de umbuzeiro (fruteira endêmica do semi-árido nordestino) e sua distribuição entre e dentro das populações, de forma a fornecer dados que direcionem a coleta de germoplasma para conservação e melhoramento genético da espécie. A população 1 foi constituída de 405 plantas originadas de sementes coletadas nos municípios de Juazeiro (Ba), Casa Nova (Ba) e Petrolina (Pe) e a população 2, formada por 550 plantas originadas de sementes coletadas em laçu (Ba). Utilizou-se a eletroforese horizontal em gel de amido na análise de nove sistemas enzimáticos, dos quais fosfoglucomutase (PGM), fosfoglucose isomerase (PGI), e peroxidase (PRX) tiveram a base genética interpretada de forma segura. PGM apresentou um loco com três alelos; PGI, dois locos, sendo o de maior migração monomórfico e o de menor migração polimórfico, com três alelos; PRX apresentou três regiões de atividade e apenas a de menor migração, contendo um loco com dois alelos, foi analisada. As duas populações não diferiram em relação ao número médio de alelos por locos ($A=2,7$) e na percentagem de locos polimórficos ($P=50\%$) pelo critério de polimorfismo de 95%. A heterozigosidade média observada na população 1 ($H_o = 0,38$) foi inferior a da população 2 ($H_o = 0,46$). O mesmo ocorreu em relação a heterozigosidade média esperada ($H_e = 0,40$ e $0,49$ nas populações 1 e 2, respectivamente). Verificou-se desequilíbrio no loco *Pgi-2* da população 1 e *Prx* na população 2 pelo teste de χ^2 o qual foi quantificado pelo índice de fixação ($\hat{I} = 0,17$ e $0,14$ respectivamente), indicando desvio em relação a panmixia, com número de heterozigotos menor que o esperado. A variabilidade genética total estimada nas duas populações foi alta ($H_T = 0,49$). A maior proporção da variabilidade total estava contida dentro das duas populações (86%), sendo reduzida a diversidade genética entre as populações (13,6%). Esta distribuição da variabilidade indica que, na coleta de germoplasma, visando à conservação e ao melhoramento genético, grande número de indivíduos devem ser coletados dentro das populações e menor ênfase deve ser dada ao número de populações.

Apoio financeiro: CAPES