

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE MACAÚBA (*Acrocomia aculeata*) COM BASE EM MARCADORES RAPD

Graciele Bellon¹, Fábio Gelape Faleiro², Adeliano Carginin², Nilton Tadeu Vilela Junqueira², Luciana Sobral de Souza³ e Cláudia Martellet Fogaça⁴

Resumo

A macaúba é uma palmeira rústica amplamente distribuída em todas as regiões do território nacional, tem despertado grande interesse sócio-econômico por sua capacidade de produção de óleo vegetal, entretanto ainda não foi suficientemente estudada quanto a sua variabilidade genética. Objetivou-se realizar o estudo da diversidade genética de 24 acessos de macaúba, por meio de marcadores moleculares RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). O DNA genômico de cada acesso foi extraído e doze primers decâmeros foram utilizados para a obtenção de marcadores moleculares RAPD, que foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as distâncias genéticas entre os acessos e realizadas análises de agrupamento e de dispersão gráfica. Foi verificada alta variabilidade genética entre os acessos e uma tendência de agrupamento relacionada à origem geográfica dos mesmos.

Introdução

A macaúba, bocaiúva, mocujá, mocajá, macaíba ou macaiúva é uma palmeira rústica pertencente à família *Arecaceae*, ex-*Palmae*, sendo amplamente distribuída em áreas de vegetação aberta ou alteradas em todas as regiões do território nacional. Segundo Lorenzi (2006), existem três espécies de macaúbas: *A. aculeata*, *A. totai* e *A. entumescens*. Existem vários relatos de utilização tradicional da macaúba como fonte de óleo para fins alimentícios, fabricação de sabões e produção de energia (Fundação..., 1983; Almeida *et al.*, 1998; Nucci, 2007; Lorenzi, 2006).

Esta espécie tem despertado grande interesse sócio-econômico por sua capacidade de produção de óleo vegetal, entretanto ainda não foi suficientemente estudada quanto a sua variabilidade genética, o que é fundamental para a conservação desses acessos e sua utilização no melhoramento genético. O uso de marcadores moleculares é uma ferramenta valiosa por permitir um rápido, preciso e acurado estudo da variabilidade existente, detectando as variações diretamente no DNA. Nesse sentido, objetivou-se analisar a variabilidade genética de acessos de macaúba de diferentes procedências com base em marcadores RAPD.

Material e Métodos

Foram analisados 24 acessos de macaúba, coletados em diferentes estados do Brasil mantidos na coleção da Embrapa Cerrados, apresentados na tabela 1. O DNA genômico de cada acesso foi extraído utilizando o método do CTAB, com modificações (Faleiro *et al.*, 2003). Doze primers decâmeros foram utilizados para a obtenção de marcadores moleculares RAPD (tabela 2). Os marcadores foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as distâncias genéticas entre os acessos com base no complemento de similaridade de NEI & LI (1979), utilizando-se o Programa Genes (Cruz, 1997) e realizadas análises de agrupamento por meio de dendograma, utilizando-se o método UPGMA (Unweighted pair-group arithmetic average) como

¹ Eng. Agr. Mestre em Ciências Agrárias/Bolsista do CNPq. Embrapa Cerrados, BR 020, Km 18, Caixa Postal 08223, 73010-970 Planaltina, DF
Endereço eletrônico: bellon@cpac.embrapa.br.

² Pesquisador da Embrapa Cerrados, BR 020, Km 18, Caixa Postal 08223, 73010-970 Planaltina, DF. Endereço eletrônico: ffaleiro@cpac.embrapa.br, adeliano@cpac.embrapa.br, junqueira@cpac.embrapa.br

³ Bióloga/Bolsista do CNPq. Embrapa Cerrados BR 020, Km 18, Caixa Postal 08223, 73010-970 Planaltina, DF. Endereço eletrônico: lusobral@cpac.embrapa.br

⁴ Bióloga, Doutora em Genética e Melhoramento /Bolsista CNPq. Embrapa Cerrados, BR 020, Km 18, Caixa Postal 08223, 73010-970 Planaltina, DF. Endereço eletrônico: claudia.fogaça@cpac.embrapa.br

critério de agrupamento e a dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio do programa SAS (Sas Institute Inc,1989) e Statistica (Statsoft Inc,1999).

Resultados e Discussão

Os 12 *primers* decâmeros geraram um total de 221 marcadores RAPD, perfazendo uma média de 18,42 marcadores por *primer*. Do total de marcadores, 159 (72%) foram polimórficos. A alta porcentagem de marcadores polimórficos evidencia a presença de alta variabilidade genética e a eficiência da técnica de RAPD na detecção desta variabilidade presente nos acessos estudados.

Dentre os *primers* utilizados, os que evidenciaram o maior número de bandas polimórficas foram o OPF-14 e o OPH-04 (ambos 25 bandas polimórficas). O *primer* que evidenciou o menor número de bandas polimórficas foi o OPD-08 (5 bandas polimórficas) (Tabela 2).

As distâncias genéticas entre os 24 acessos de macaúba variaram entre 0,071 e 0,288 (dados não apresentados). As menores distâncias genéticas foram verificadas entre os acessos CPAC-MC-082 e CPAC-MC-086 (0,071), ambos procedentes de Minas Gerais, seguidos pelos acessos CPAC-MC-038 pl6 e CPAC-MC-025 (0,073), procedentes do Distrito Federal. As maiores distâncias genéticas foram observadas entre o acesso CPAC-MC057, procedente do estado do Pará, e os acessos CPAC-MC-001 (0,288) e CPAC-MC-009 (0,288) procedentes de Betim e Sete Lagoas, respectivamente, ambos municípios do Estado de Minas Gerais.

A análise de agrupamento realizada com base nas distâncias genéticas, permitiu subdividir os 24 acessos em, pelo menos, 5 grupos de similaridade genética a uma distância genética relativa de 0,16 (Figura 1). O primeiro grupo foi formado pelo maior número de acessos, todos procedentes do Distrito Federal. Dentro deste grupo, nota-se a formação de subgrupos de similaridade e uma tendência de agrupamento das plantas do acesso CPAC-MC-038. O segundo grupo foi formado pelos acessos CPAC-MC-013 e CPAC-MC-019, ambos procedentes do estado de Goiás. No terceiro grupo foram agrupados todos os acessos procedentes de Minas Gerais. O quarto grupo foi formado apenas pelo acesso CPAC-MC0-21, oriundo de Buritizal-SP. O quinto grupo também foi formado por somente um acesso, CPAC-MC-057, procedente de Marabá, estado do Pará. Desta forma, observa-se que os agrupamentos dos acessos de macaúba relacionaram-se com a origem geográfica dos mesmos. A distribuição dos acessos nos grupos de similaridade podem ser também observadas no gráfico de dispersão (Figura 2).

A grande diversidade genética encontrada e o conhecido potencial da macaúba abrem boas perspectivas para maiores estudos envolvendo esta espécie. Em tais estudos, deve-se aliar as informações obtidas por meio de técnicas moleculares ao desempenho destes materiais em condições de cultivo, orientando programas de caracterização e uso de recursos genéticos e de melhoramento. Assim, as informações obtidas nesse trabalho irão complementar a caracterização morfo-agronômica desses materiais que já foi iniciada pela Embrapa Cerrados em Planaltina, DF. Tais informações serão valiosas para identificar, no banco de germoplasma, fontes de genes para utilização futura que, além de prevenir a perda desses recursos, também podem ser de grande importância para o desenvolvimento e domesticação da cultura.

Conclusões

Foi verificada alta variabilidade genética entre os acessos de macaúba estudados neste trabalho e a eficiência da técnica de RAPD na detecção desta variabilidade.

Houve uma tendência de agrupamento dos acessos de acordo com sua origem geográfica. Este resultado indica que coletas de acessos em diferentes regiões possibilitaram uma ampliação da base genética da coleção de germoplasma.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, S. P.; PROENÇA, C. E.; SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F. *Cerrado, espécies vegetais úteis*. Planaltina: Embrapa - CPAC. Distrito Federal, p. 464, 1998.
- CRUZ, C.D. *Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV. 1997. 442p.
- FALEIRO, F.G.; FALEIRO, A.S.G.; CORDEIRO, M.C.R., KARIA, C.T. *Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado*. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. (Comunicado Técnico N°92) 6p.
- FUNDAÇÃO CENTRO TECNOLÓGICO DE MINAS GERAIS. *Programa Energia – Produção de combustíveis líquidos a partir de óleos vegetais: Volume 1 – Estudo de oleaginosas nativas de Minas Gerais*. Belo Horizonte – MG: CETEC-MG, 1983. 152p.
- LORENZI, G.M.A.C. *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. – Arecaceae: Bases para o extrativismo sustentável. 2006. 156p. Tese (Doutorado em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná.
- NEI, M.; LI, W. H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, Washington, v. 76, n. 10, p. 5269-5273. 1979.
- NUCCI, S.M.. *Desenvolvimento, caracterização e análise da utilidade de marcadores microssatélites em genética de população de macaúba*. 2007. 84f. Dissertação (Mestrado em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia) – Pós-Graduação – IAC.
- SAS INSTITUTE. *SAS/STAT user's guide*. Version 6, 4th. Ed. Cary, North Caroline, 1989. 846 p.
- STATSOFT INC. *Statistica for Windows [Computer program manual]* Tulsa, OK. StatSoft Inc. 2300 Ecast 14th Street, Tulsa. 1999.

Tabela 1. Acessos de macaúba e seus respectivos locais de coleta.

Tubo	Acesso	Local de coleta
1	CPAC-MC-038 pl1	Capão dos Porcos - DF
2	CPAC-MC-038 pl2	Capão dos Porcos - DF
3	CPAC-MC-038 pl3	Capão dos Porcos - DF
4	CPAC-MC-038pl4	Capão dos Porcos - DF
5	CPAC-MC038pl5	Capão dos Porcos - DF
6	CPAC-MC038pl6	Capão dos Porcos - DF
7	CPAC-MC040	Capão dos Porcos - DF
8	CPAC-MC025	Buriti Vermelho - DF
9	CPAC-MC036	Tabatinga - DF
10	CPAC-MC020	Planaltina - DF
11	CPAC-MC065	Pípiripau - DF
12	CPAC-MC070	Planaltina - DF
13	CPAC-MC001	Betim - MG
14	CPAC-MC008	Montes Claros - MG
15	CPAC-MC009	Sete Lagoas - MG
16	CPAC-MC014	Contagem - MG
17	CPAC-MC016	Ingaí - MG
18	CPAC-MC082	Lagoa Formosa - MG
19	CPAC-MC086	Carmo do Paranaíba - MG
20	CPAC-MC011	Montes Claros - MG
21	CPAC-MC013	Cabeceiras - GO
22	CPAC-MC019	Porangatu - GO
23	CPAC-MC021	Buritizal - SP
24	CPAC-MC057	Marabá - PA

Tabela 2. Primers utilizados para obtenção dos marcadores RAPD e respectivos número de bandas polimórficas e monomórficas.

Primers	Seqüência 5'→3'	nº de bandas polimórficas	nº de bandas monomórficas
OPD-04	TCTGGTGAGG	10	1
OPD-07	TTGGCACGGG	13	6
OPD-08	GTGTGCCCCA	5	6
OPD-12	CACCGTATCC	10	6
OPD-14	CTTCCCAAG	15	5
OPD-16	AGGGCGTAAG	9	5
OPF-14	TGCTGCAGGT	25	5
OPG-15	ACTGGGACTC	11	7
OPG-17	ACGACCGACA	14	7
OPH-04	GGAAGTCGCC	25	4
OPH-16	TCTCAGCTGG	14	6
OPH-19	CTGACCAGCC	8	4
		159	62

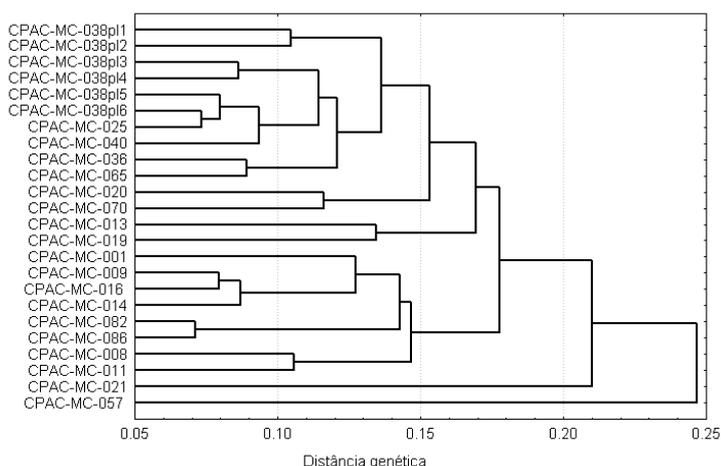


Figura 1. Análise de agrupamento de 24 acessos de macaúba, com base na matriz de distâncias genéticas calculadas utilizando-se 221 marcadores RAPD. O método do UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento.

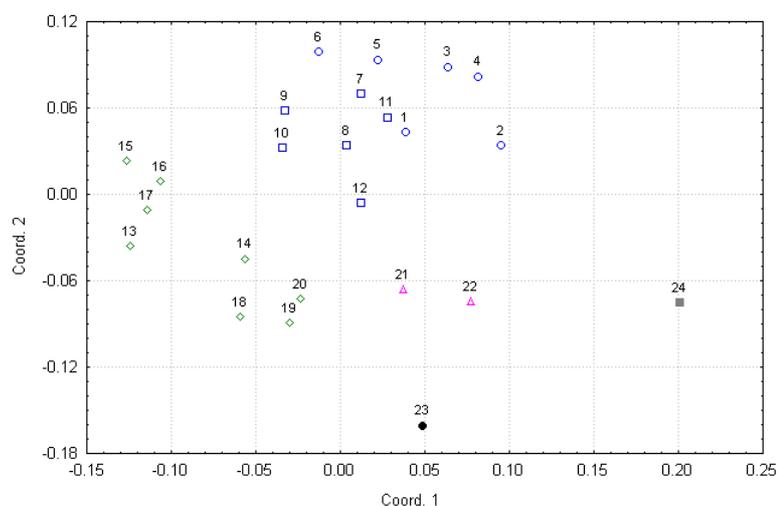


Figura 2. Dispersão gráfica de 24 acessos de macaúba com base na matriz de distâncias genéticas calculadas utilizando-se 221 marcadores RAPD. Os números correspondem aos acessos da Tabela 1, sendo plantas do acesso CPAC-MC-038 (○), demais acessos coletados no DF (), MG (◇), GO (△) SP (●) e PA (■).