

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE PLANTAS DO GÊNERO *Croton* DO BANCO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA AMAZÔNIA OCIDENTAL

Paula Cristina da Silva Angelo¹; Natália Dayane Moura Carvalho²; Francisco Célio Maia Chaves¹; Humberto Ribeiro Bizzo³; José Jackson Bacelar Nunes Xavier¹

¹ - Pesquisadores, Embrapa Amazônia Ocidental, Rod. AM 010 - km 29, Manaus - AM, CP 319, CEP 69011-970. paula@cmaa.embrapa.br.

² - Bolsista CNPq/PIBIC, estudante de Ciências Biológicas da ESBAM

³ - Pesquisador, Embrapa Agroindústria de Alimentos, Rio de Janeiro - RJ.

Entre plantas de *Croton* spp que estão introduzidas no Banco de Germoplasma da Embrapa Amazônia Ocidental incluem-se 10 acessos de sacaca branca, seis de vermelha e quatro de sacaquinha, coletados no Pará, Acre e Amazonas. Sacaca branca e vermelha são morfotipos da espécie *C. cajuçara* Benth e sacaquinha é o nome vulgar de *C. sacaquinha*, Croizat. Com o objetivo de caracterizar geneticamente plantas dos 16 acessos de sacaca e dois de sacaquinha e avaliar a diversidade genética entre estas plantas foram utilizados marcadores moleculares RAPD ("random amplified polymorphic DNA"). O DNA foi extraído das folhas das plantas utilizando tampão com CTAB e quantificado por espectrofotometria. As reações de PCR foram realizadas com 100 µM de cada dNTP; 400 nM de "primer" decâmero; 2 mM de MgCl₂; 0,1% de BSA; 50 mM de KCl; 20 mM de Tris-HCl; 1,5 unidades de Taq DNA polimerase e 30 ng de DNA. Cinco "primers" decâmeros foram usados em ciclos de 94 °C por 5 min; 25 x (94 °C por 30 sec; 33 °C por 45 sec; 72 °C por 45 sec) e 72 °C por 7 min. Os produtos de PCR foram submetidos à eletroforese em agarose 1,5% corada com brometo de etídio (0,5 µg/ml). Os padrões de RAPD foram registrados por câmera digital Kodak® DC120 e a identificação das bandas foi realizada utilizando o Kodak® 1D Image Analysis. Estes dados foram transformados em código binário para o cálculo dos coeficientes de diversidade de Sorenson/Nei & Li (GENES - v. 2001.0.0). A matriz de diversidade foi submetida a "bootstrapping" (FITCH/PHYLP) e os resultados utilizados para o agrupamento das plantas dos 17 acessos de *Croton* spp e da mandioca cultivar BRS-Purus, empregada como "out group". Plantas de sacaca branca e vermelha ficaram reunidas em um único "cluster", sendo que o morfotipo branca ocupou um "sub-cluster" e o morfotipo vermelha, outro. Os dois acessos de sacaquinha ocuparam um segundo "cluster" e mostraram-se menos similares um ao outro do que as plantas de sacaca vermelha e as plantas de sacaca branca entre si (similaridade intra-morfotípica). No entanto, a similaridade entre estes dois morfotipos de sacaca (similaridade inter-morfotípica) foi menor do que entre plantas de sacaca e de sacaquinha. Sacaquinha foi a espécie que se mostrou geneticamente mais similar à mandioca.

Agradecimentos: Jeferson C. Cruz e Hilma A. R. Couto, laboratoristas da Embrapa Amazônia Ocidental. CNPq pela Bolsa para a segunda autora.

Financiamento: Rede Nacional de Recursos Genéticos (RENARGEN)/Embrapa e MCT.