

Diversidade genética entre populações de coqueiro gigante do Brasil por meio de marcadores microssatélites (SSR)

Ribeiro, FE¹; Baudouin, L²; Lebrun, P²; Chaves, LJ³; Brondani, C⁴; Zucchi, MI⁵; Vencovsky, R⁶

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju-SE, ²CIRAD, Amélioration Cocotier, BP 5035, 34032, Montpellier, Cedex 01, France. ³Universidade Federal de Goiás (UFG). ⁴Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO. ⁵APTA - Pólo Centro Sul, Piracicaba-SP. elias@cpatc.embrapa.br

Palavras-chave: Estrutura populacional, Variabilidade genética, Marcadores moleculares.

O coqueiro (*Cocos nucifera* L.) é constituído de uma só espécie e de duas variedades principais, a gigante (*Typica*) e a anã (*Nana*) e o sudeste asiático é o provável centro de origem da espécie. A variedade gigante foi introduzida no Brasil em 1553, proveniente da Ilha de Cabo Verde. O presente trabalho teve por objetivo avaliar a diversidade genética entre e dentro de populações de coqueiro gigante do Brasil por meio de marcadores microssatélites (SSR). Foram coletadas amostras de 195 indivíduos de dez populações distribuídas no litoral da Região Nordeste do Brasil: Santo Inácio (MA), Luís Correia (PI), Baía Formosa (RN), Georgino Avelino (RN), São José do Mipibu (RN), Santa Rita (PE), Merepe (PE), Japoatã (SE), Pacatuba (SE) e Praia do Forte (BA). A diversidade genética foi avaliada utilizando 13 locos SSR (Baudouin & Lebrun, 2002). Foram avaliados os níveis de polimorfismos nas populações de coqueiros e detectados um total de 68 alelos, com média de 5,23, variando de 2 a 13 alelos por loco. A diversidade gênica de Nei (D) média foi de 0,459 e a heterozigosidade observada média de 0,443. O valor de θ_p , médio estimado, que reflete o grau de diferenciação genética entre as populações, foi de 0,160. A taxa estimada de cruzamento aparente (t_2) foi 92%. O que confirma o comportamento da espécie como preferencialmente alógama. As estimativas de distância genética entre as populações variaram de 0,034 a 0,390. Com base nestas distâncias e no dendrograma correspondente, propôs-se a formação de dois grupos, o primeiro formado pelas populações de Baía Formosa, Georgino Avelino e São José do Mipibu e o segundo pelas populações de Japoatã, Pacatuba e Praia do Forte, com as demais populações individualizadas. A correlação matricial entre as distâncias genéticas de Nei e as distâncias geográficas, foi positiva ($r = 0,598$) e significativa a 1% de probabilidade ($p = 0,0027$) pelo teste de Mantel. Estes resultados sugerem uma estruturação espacial da variabilidade genética entre as populações, com maior similaridade entre as populações mais próximas geograficamente e a diversidade encontrada nessas populações mostra-se de alta magnitude. A variabilidade genética entre populações de coqueiro gigante do Brasil detectada pelos marcadores microssatélites (SSR) foi de 16%.