

interativa

Frutas: Saúde, inovação
e responsabilidade.

Centro de Convenções - Natal-RN - www.fruticulturanatal.com.br

XXI CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA 17 a 22 outubro 2010

Promoção



Realização



UFERSA

Embrapa
Grapefruit

Organização



PA 3211-4308

Apoio

UFRRN

CNPq



PAPERN



CATIS

Embrapa

IBRAF

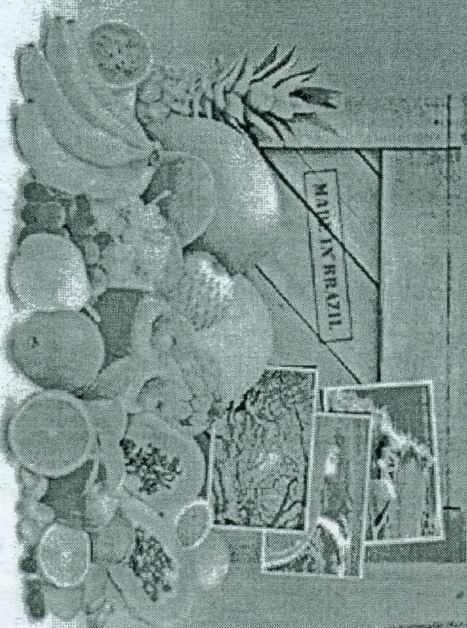
SEBRAE

NATAL



BRUNO

CONFEEA



Embrapa Amazônia Ocidental
SIN - BIBLIOTECA

PROGRAMAÇÃO

TRABALHOS CIENTÍFICOS

LOCAL

EXPOSIÇÃO

PARCEIROS

Análise da diversidade genética
2010 SP-PP-S1617



CPAA-23146-1

Analise da diversidade genética entre acessos de cupuaçuzeiro

Introdução

O cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* (Willd. ex Spreng. Schum.) é uma frutífera alógama com pouco histórico de domesticação. O grande diferencial dessa espécie amazônica é o aproveitamento do fruto por diversos segmentos da indústria, desde alimentícia a de cosméticos. A coleta de germoplasma em diferentes localidades, avaliação e seleção de plantas produtivas e resistentes a estresses iniciaram o programa de pesquisa da espécie no Estado do Amazonas. A análise da diversidade dos acessos coletados é a base para o sucesso das estratégias de gestão dos recursos genéticos e da utilização do germoplasma no programa de melhoramento genético em curto e longo prazo.

A caracterização genética dos Bancos de germoplasma é utilizada para explorar o grau de diversidade genética de várias espécies interesse econômico. Os marcadores moleculares são excelentes para complementar as análises com base em descritores morfo-agronômicos e ampliar o conhecimento sobre a variação genética do germoplasma em curto prazo. Os ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) foram desenvolvidos para explorar repetições de microssatélites sem a necessidade de seqüenciamento do DNA. Na técnica é utilizado um único *primer* para amplificação de segmentos de DNA presentes entre dois microssatélites idênticos, porém orientados em direções opostas. Os ISSRs representam uma das classes mais acessíveis de marcadores em termos de custo, não requer informação da seqüência do genoma e a visualização dos produtos amplificados pode ser em eletroforese em gel de agarose.

Objetivo do trabalho foi estimar a diversidade genética de 84 acessos pertencentes a coleção de germoplasma da Embrapa Amazônia Ocidental visando fornecer informações úteis para a estruturação dos programas de conservação e melhoramento genético do cupuaçuzeiro.

Material e métodos

A pesquisa foi desenvolvida no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Amazônia Ocidental. Foram analisados 84 clones da coleção de germoplasma coletados em diferentes locais da região amazônica (Tabela 1). O protocolo de extração de DNA de folhas jovens foi o otimizado para espécies do gênero *Theobroma*. Para amplificação das regiões ISSR foram selecionados inicialmente oito *primers* ISSR com base na a

Analise da diversidade genetica
2010 SP-PP-S1617



CPAA-23146-1

quantidade e qualidade das bandas de um conjunto de 100 *primers* set #9 UBC (*University of British Columbia*). Os produtos amplificados foram separados em gel de agarose 1,5% corado com brometo de etídio. A matriz de dados obtida foi submetida a análise de similaridade de *Jaccard* que foi utilizada para a obtenção do dendrograma pelo método de agrupamento da distância média (UPGMA), com auxílio do aplicativo computacional NTSYS pc 2.1.

Tabela 1 – Origem geográfica e numero de acessos de cupuaçuzeiro analisados

Origem Geográfica	Estado	Numero de Acessos
Alto Solimões	Amazonas	20
Baixo Amazonas	Amazonas	08
Médio Amazonas	Amazonas	46
Bragantina	Pará	10

Resultados e discussão

Os *primers* selecionados produziram um total de 75 bandas, com numero médio de 9,38 bandas por *primer*. O maior número de bandas foi gerado pelo *primer* ISSR812 com um total de 13 bandas, enquanto o *primer* ISSR828 produziu o menor numero de seis bandas (Tabela 2).

Tabela 2. Primers ISSR utilizados para análise de diversidade de acessos de cupuaçuzeiro.

Primers	Repetições	Nº de Bandas	Tamanho (pb)	Primers	Repetições	Nº de Bandas	Tamanho (pb)
812	(GA) ₈ A	13	450-2000	873	(GACA) ₄ G	8	600-2000
825	(AC) ₈ T	8	400-2000	878	(GGAT) ₄	10	300-1650
828	(TG) ₈ A	6	500-1650	888	BDB(CA) ₇	11	400-1800
844	(CT) ₈ RC	11	300-3000	890	VHV(GT) ₇	8	300-1000

Observou-se que 40% dos acessos oriundos da região do Alto Solimões-AM e 50% dos acessos de Bragantina-PA reuniram-se no mesmo grupo. Do mesmo modo, os acessos do Médio Amazonas 44% ficaram no mesmo agrupamento onde se encontram 30% da região de Bragantina-PA (Figura1). Estes resultados sugerem que apesar da distância geográfica entre as regiões de coleta esses acessos apresentam elevado relacionamento genético. Entretanto em relação aos acessos do Baixo Amazonas verificou-se que 50% destes agruparam-se apenas com 10% de Bragantina

demonstrando que existe mais diversidade entre os acessos do Baixo do Amazonas e Bragantina quando comparado com as outras duas regiões.

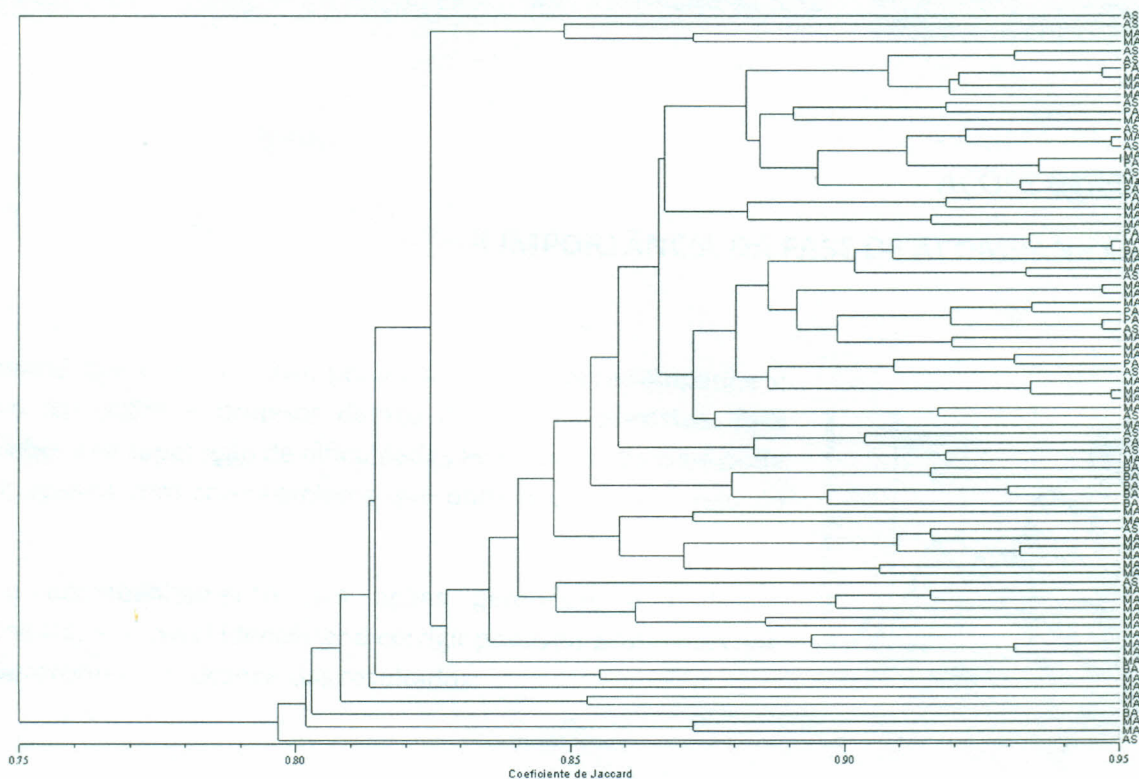


Figura 1. Dendrograma de todos os acessos analisados com base no coeficiente de similaridade de *Jaccard*, método UPGMA.

Conclusão

Os acessos de Bragantina e das regiões do Alto Solimões e Médio Amazonas apresentaram menor diversidade genética com base no coeficiente de similaridade de *Jaccard*.