

# Variabilidade genética estimada entre cultivares de bananeira por meio de marcadores microssatélites

Larissa Santos Oliveira<sup>1</sup>, Valquiria Martins Pereira<sup>2</sup>, Juliana Leles Costa<sup>3</sup>,  
Claudia Fortes Ferreira<sup>4</sup>, Sebastião de Oliveira e Silva<sup>5</sup>, Edson Perito Amorim<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia;

<sup>2</sup>Mestranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia;

<sup>3</sup>Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia UFRB;

<sup>4</sup>Pesquisador (a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura; <sup>5</sup>Bolsista do CNPq

## INTRODUÇÃO

O Brasil é o quarto produtor mundial de banana, tendo produzido 7,0 milhões de toneladas em 2008, em uma área aproximada de 500 mil hectares. A falta de variedades comerciais de banana que sejam produtivas, com porte adequado e resistentes às principais pragas, constituem-se em fatores limitantes da cultura, sendo uma estratégia para a solução deste problema o desenvolvimento de cultivares mediante programas de melhoramento genético. As cultivares mais difundidas no Brasil são Maçã, Prata, Pacovan, Prata-Anã, Mysore, Terra e D'Angola, pertencentes ao grupo genômico AAB, e Nanica, Nanicão e Grand Naine, do subgrupo Cavendish, utilizadas principalmente para exportação. A caracterização agrônômica e a estimativa da variabilidade genética disponível para o melhoramento são informações úteis, tanto na escolha de genitores para cruzamentos entre genótipos divergentes quanto para explorar a heterose. Vários marcadores moleculares, em especial microssatélites têm sido amplamente utilizados na estimativa da variabilidade genética, na escolha de genitores e em estudos filogenéticos em bananeira. O objetivo deste trabalho foi estimar a variabilidade genética entre 21 cultivares comerciais de bananeira, por meio de marcadores moleculares microssatélites.

## METODOLOGIA

Foram utilizadas 21 cultivares de bananeira disponíveis para cultivo pelos agricultores e registradas no RNC/MAPA. Um total de 08 primers foram utilizados, seis da série AGMI desenvolvidos por Lagoda et al. e dois da série

MaOCEN obtidos por Creste et al. O DNA genômico foi extraído de folhas jovens, utilizando o método CTAB. As reações de amplificação via SSR's e conduzidas em termociclador Perkin Elmer modelo 9700, empregando-se o esquema de touchdown. Os fragmentos foram separados em géis de agarose a 3% (invitrogen) e os produtos da amplificação foram corados com brometo de etídeo para visualização dos alelos. Os fragmentos amplificados foram avaliados como ausência (0) e presença (1). A similaridade genética entre todos os 21 genótipos foi calculada a partir do coeficiente de Jaccard. As similaridades genéticas foram utilizadas para fazer o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA por meio do software NTSYS-pc.

## **RESULTADOS**

O número de alelos obtidos foi de 21, com média de 2,62 alelos por primer. O maior número de alelos foi identificado no primer MaOCEN 13 (5 alelos) e o menor número nos primers AGMI101/102, AGMI 95/96 e AGMI127/128 (2 alelos). O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variou de 0,68 para o primer AGMI 187/188 a 0,74 para o primer MaOCEN 13, com média de 0,60. O dendrograma das similaridades genéticas baseada em SSR foi obtido pelo método UPGMA.

Neste trabalho, foi possível observar o agrupamento entre cultivares com base em sua genealogia, entre elas os híbridos Preciosa, Japira e Vitória, do grupo AAAB (híbridos obtidos a partir do cruzamento entre Pacovan e do diplóide M53). A presença da cultivar Garantida junto a esse grupo justifica-se em razão de todos os híbridos compartilharem do mesmo genitor masculino, o diplóide M53.

As cultivares FHIA 01 e FHIA 18 agruparam-se juntas, provavelmente devido ao grau de parentesco, uma vez que ambas são híbridos de Prata Anã. Resultado semelhante foi observado entre as cultivares Prata Anã e Pacovan, dois mutantes de Prata Comum. As cultivares Thap Maeo e Mysore agruparam-se juntas, fato justificável em função da 'Thap Maeo' ser uma mutação de Mysore.

## **CONCLUSÃO**

Os marcadores SSR detectaram variabilidade genética em bananeira. O germoplasma avaliado possui variabilidade suficiente para o melhoramento genético da fruteira.

Palavras-chave: Cultivares, Divergência Genética, Marcadores Moleculares.