



DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES NATURAIS DE CASTANHEIRA (*Bertholletia excelsa*) COM MARCADORES ISSR.

VANESSA SANTOS SILVA¹; KARINA MARTINS²; TATIANA DE CAMPOS³; LÚCIA HELENA DE OLIVEIRA WADT⁴;
1.UFAC, RIO BRANCO, AC, BRASIL; 2.UFSCAR, SOROCABA, SP, BRASIL; 3,4.EMBRAPA, RIO BRANCO, AC, BRASIL;
vanessa.ssilva@yahoo.com.br

Resumo: A castanheira possui um grande valor econômico devido à exploração de suas sementes. Consequentemente, é uma espécie arbórea muito visada para fins de extrativismo. Nesse sentido, as análises genéticas são de grande importância, pois geram um conhecimento sobre a estrutura genética relevante para a elaboração de projetos de conservação da espécie. Os marcadores moleculares ISSR têm sido utilizados para estudos genéticos por serem altamente informativos, multilocos e de baixo custo, permitindo a caracterização da diversidade genética da espécie. O objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura genética populacional da castanheira nas regionais do Baixo e Alto Acre, no Estado do Acre. Nas seis populações analisadas utilizando seis marcadores ISSR, obteve-se 45 locos com polimorfismo intrapopulacional de 65 a 85%. As populações avaliadas dividiram-se em dois agrupamentos: baixo acre e alto acre. A análise de diversidade genética mostrou que 74,29% da variação encontrada esteve dentro das populações, contribuindo, assim, para o conhecimento da biologia da espécie.

Palavras-chave: Castanha-do-brasil, Variabilidade Genética, Conservação Genética.

Introdução

A floresta amazônica possui uma grande riqueza de espécies vegetais com potencial para o uso econômico, dentre as quais destaca-se a castanheira (*Bertholletia excelsa*), com um grande valor comercial devido à exploração de suas sementes conhecidas como castanha-do-brasil ou castanha-do-pará. Em decorrência da pressão de exploração, as análises genéticas são de grande importância, já que o conhecimento gerado por estudos de estrutura genética de populações é fundamental para a realização de programas de conservação, gerando dados úteis na definição de áreas de conservação e mostrando as áreas com prioridades para o manejo dos recursos genéticos. Nesse sentido, os marcadores moleculares têm auxiliado bastante no estudo genético de populações florestais, como o caso do marcador ISSR (Williams *et al.*, 1990). O ISSR é um marcador altamente informativo, multiloco e de baixo custo (Salimath *et al.*, 1995) que pode apresentar dados úteis para caracterizar a diversidade genética e avaliar o impacto da coleta das sementes na estrutura genética das populações, dentre outras funções. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura genética de populações naturais e exploradas de Castanheira por meio de marcadores ISSR.



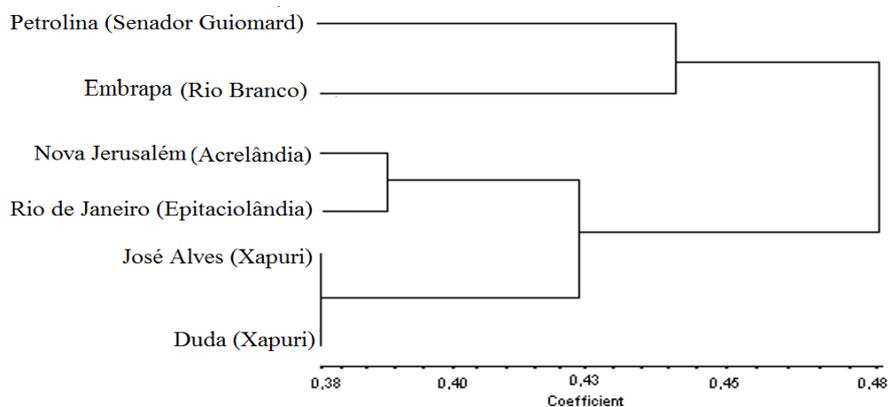
Material e Métodos

As amostras de entrecasca do tronco foram coletadas de 226 árvores adultas situadas em seringais e áreas particulares em seis populações distribuídas nos municípios acrianos de Rio Branco, Acrelândia, Senador Guiomard, Xapuri e Epitaciolândia. Posteriormente, o DNA genômico foi extraído com base em modificações no protocolo CTAB 2% de Ferreira e Grattapaglia (1996). Para as amplificações foram utilizados seis marcadores ISSR ((CA)₈GG, (CA)₇GTCC, (GA)₈RG, (AG)₈YG, (CA)₈RY E (AG)₈YT). As amplificações foram realizadas com volume final de 13 µl contendo: 1,5 mM de MgCl₂; 1 unidade de Taq Polimerase (Phoneutria); 5 ng de DNA; 0,25 mM de cada dNTP; 0,20 mM do primer; 50 mM de KCl; 10 mM de Tris- HCl. Os produtos da amplificação foram visualizados em géis de agarose (1,5%) corados com brometo de etídio. Na leitura dos géis, foram utilizados dados binários, com (1) para a presença e (0) para ausência. Foi calculado o percentual de polimorfismo total das populações e por população. Para estimar a variabilidade entre e dentro das populações foi realizada a Análise de Variância Molecular (AMOVA) com o *software* Arlequin. O dendrograma mostrando a estruturação dos grupos foi construído pelo programa NTSYSpc (versão 2,10z), utilizando-se o critério de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Para avaliar a estruturação espacial das populações, utilizou-se o *software* Boot para mostrar a distância genética entre os pares de populações e o programa MapSource para estimar a distância geográfica entre os pares de população.

Resultados e Discussão

Dos 226 indivíduos avaliados com seis marcadores ISSR, obtiveram-se 45 locos. De todos os locos analisados, somente dois apresentaram a frequência maior que 98,67%, sendo considerados monomórficos. Dentro de cada população o polimorfismo ficou entre 65% e 85% mostrando diversidade genética dentro da espécie. O dendrograma apresentado na Figura 1 mostra que as populações geograficamente próximas (Petrolina, Embrapa e Nova Jerusalém) apresentam distância genética considerável. E que os grupos formados no dendrograma dividiram as populações em dois grupos: Baixo Acre e Alto Acre, que correspondem às regiões geográficas de coleta dentro do Estado.

Figura 1. Dendrograma formado pelo método UPGMA indicando os agrupamentos formados geneticamente baseados no índice de similaridade de Jaccard.



A análise da diversidade presente dentro das populações e entre as populações, mostrou que 25,71% de variação ocorreu entre as populações e 74,29 % está dentro das populações. Hamrick (1992) retrata que espécies arbóreas possuem a maior variação dentro das populações do que entre as populações em comparação com outras formas de vidas e que em grandes áreas geográficas, padrões de dispersão de sementes pelo vento ou por animais, como a castanheira conferem maior diversidade genética dentro do que entre as populações.

Conclusão

Bertholletia excelsa apresentou alto grau de polimorfismo e dentro das populações, não foi observada estruturação da variabilidade genética. Estudos adicionais sobre a estrutura genética de populações de *B. excelsa* devem ser conduzidos a fim de auxiliar programas de melhoramento e de conservação da espécie, além de contribuírem para a exploração sustentável.

Referências Bibliográficas

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2.ed.Embrapa-Cenargen,. 220p 1996. Brasília.

HAMRICK, J. L., GODT, M. J. W., SHERMAN-BROYLES, S. L.: Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. **New Forests** 6: 95–124 (1992).

SALIMATH, S.S., OLIVEIRA, A.C., GODWIN, I.D., BENNETZEN, J.L. Assessment of genome origins and genetic diversity in the genus *Eleusine* with DNA markers. **Genome** 38: 757-763. (1995).

WILLIAMS, John G.K.; KUBELIK, Anne R.; LIVAK, Kenneth J.; RAFALSKI, J. Antoni and TINGEY, Scott V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, November, vol. 18, no. 22, p. 6531- 6535. (1990)