



ANAIS - II CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

11-SESSÃO PÔSTER 01

25/09/2012 17:30-18:30

CAMAROTE A/B

[Trabalho 44 ]



**Clique para abrir o Artigo Completo/Click  
to open the paper**

VEGETAL

**RELAÇÃO GENÉTICA BASEADA EM ANÁLISES ISSR EM BACURIZEIROS ORIUNDOS DE BARRAS - PI.**

ISIS GOMES DE BRITO SOUZA<sup>1</sup>; PAULO SARMANHO DA COSTA LIMA<sup>2</sup>;

1.UFPI - UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ, TERESINA, PI, BRASIL; 2.EMBRAPA MEIO NORTE, TERESINA, PI, BRASIL;

[isisgomesmd@hotmail.com](mailto:isisgomesmd@hotmail.com)

**Resumo:**

Resumo: A utilização do bacurizeiro, uma espécie frutífera, com finalidade madeireira começou a comprometer a variabilidade genética da espécie. Assim, marcadores entre simples sequências repetidas (ISSR) foram usados para caracterizar 15 genótipos de bacurizeiro que compõem a Coleção de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. O coeficiente de distância Euclidiana foi usado para a construção de uma matriz de distância genética e dendrograma. Foram amplificados 226 locos de DNA, utilizando-se 17 primers. Foi obtida uma média de 8,38 de distância entre os genótipos, o que indica uma alta diversidade genética. A maior dissimilaridade foi obtida entre os genótipos BGB 7 e BGB 19 e BGB 7 e BGB 70 (12,77) e podem constituir bons genitores em programas de melhoramento.



## RELAÇÃO GENÉTICA BASEADA EM ANÁLISES ISSR EM BACURIZEIROS ORIUNDOS DE BARRAS - PI.

**Resumo:** A utilização do bacurizeiro, uma espécie frutífera, com finalidade madeireira começou a comprometer a variabilidade genética da espécie. Assim, marcadores entre simples sequências repetidas (ISSR) foram usados para caracterizar 15 genótipos de bacurizeiro que compõem à Coleção de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. O coeficiente de distância Euclidiana foi usado para a construção de uma matriz de distância genética e dendrograma. Foram amplificados 226 locos de DNA, utilizando-se 17 *primers*. Foi obtida uma média de 8,38 de distância entre os genótipos, o que indica uma alta diversidade genética. A maior dissimilaridade foi obtida entre os genótipos BGB 7 e BGB 19 e BGB 7 e BGB 70 (12,77) e podem constituir bons genitores em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** bacuri, coleção de germoplasma, distância genética

### Introdução

*Platonia insignis* Mart., popularmente conhecida como bacurizeiro, é uma espécie frutífera com boas perspectivas de exploração econômica devido à larga aceitação de seus frutos tanto para o consumo *in natura*, como industrializados. No entanto, a utilização do bacurizeiro com finalidade madeireira começou a colocar em risco seu patrimônio genético. Além disso, a atividade da pecuária tem impedido a regeneração natural das plantas, contribuindo para o comprometimento da variabilidade genética do bacurizeiro (NASCIMENTO et al., 2007). Assim, é necessário que se intensifiquem os trabalhos de pesquisa concernentes à caracterização de germoplasma, a fim de avaliar a diversidade genética e/ou resguardar o seu patrimônio genético. A caracterização de um germoplasma pode ser baseada em marcadores moleculares, os quais acessam diretamente o DNA. Dentre eles existem os ISSR, que são dominantes e apropriados para uso em espécies para as quais informações extensivas em sequências de DNA ainda não estão disponíveis (MELONI et al., 2006), como no caso do bacurizeiro. Assim, objetivou-se com esse trabalho avaliar a diversidade genética baseada em análises ISSR em genótipos oriundos do município de Barras, que é uma região de grande ocorrência da espécie.

### Material e Métodos



Os 15 genótipos caracterizados de bacurizeiro fazem parte da Coleção de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, estabelecidos em Teresina, PI (5°05' S de latitude e 42°49' W de longitude, 72 m de altitude). Esses genótipos foram coletados no município de Barras, Estado do Piauí.

O DNA genômico foi extraído conforme recomendações do manual do Kit DNeasy Plant Mini da Qiagen<sup>TM</sup>. Foram testados 100 *primers* ISSR UBC e as reações foram realizadas em volume final de 20 µL, contendo os seguintes componentes: tampão de PCR [13,5 mM Tris-HCl (pH 8,3); 67,5 mM KCl; 2,0 mM MgCl<sub>2</sub>], 200 µM de cada um dos quatro desoxirribonucleotídeos (dATP, dCTP, dGTP e dTTP), 0,7 µM de primer, 1 U de Taq DNA polimerase (New England Biolabs), 5 ng de DNA genômico e água. As amplificações foram realizadas em termociclador Veriti<sup>TM</sup> 96-Well Fast Thermal Cycler (Applied Biosystems), programada da seguinte forma: 95°C por 10 minutos, 35 ciclos [1 minuto a 95°C; 45 segundos a 50 - 62°C (dependendo do *primer* utilizado) e 2 minutos a 72°C] e a extensão a 72°C por cinco minutos. Os produtos das amplificações foram separados por eletroforese horizontal em gel de agarose a 1,5% por 3 horas e 30 minutos e corados com 12,5× Gel Red (Biotium). Em seguida, foram visualizados em transiluminador UV e fotodocumentados.

Os produtos amplificados foram designados como um único caráter, no qual a presença foi representada por “1” e a ausência por “0”. Os marcadores ISSR foram então convertidos em uma matriz binominal (0/1). A relação genética entre os genótipos foi estimada utilizando-se o coeficiente de distância Euclidiana, resultando em uma matriz. O dendrograma foi obtido pelo método da ligação média não ponderada (UPGMA) para ilustrar as relações entre os genótipos, com auxílio do software PAST 1.34 (HAMMER; HARPER; RYAN, 2001). O ajuste entre a matriz de similaridade e o dendrograma foi estimado pelo coeficiente de correlação cofenética (r), conforme Sokal e Rohlf (1962).

### **Resultados e Discussão**

Um total de 226 locos ISSR foi amplificado por dezessete *primers* selecionados, correspondendo a uma média de 13 locos por *primer*. Um maior número de locos foi detectado com o *primer* UBC 810 (21) e um menor com os *primers* UBC 842 e UBC 890 (9). Entre os 226 locos amplificados, 216 mostraram polimorfismo o que correspondeu a 95,57%. De acordo com Waugh e Powell (1992) o polimorfismo revelado por marcadores moleculares fornece informação valiosa para o desenvolvimento e melhoramento de populações. Um menor grau de variação genética foi detectado num estudo pioneiro com marcador molecular (RAPD), em populações dos Estados do Ceará, Maranhão e Piauí (87,15%) (ALMEIDA et al., 2007).



Estimativas das relações genéticas entre os genótipos são úteis na seleção de combinações parentais. Os valores de distâncias genéticas entre os 15 genótipos de bacurizeiro variaram de 7,28 a 12,77 (média = 8,38) (Tabela 1) o que indica que esses materiais ainda apresentam grande diversidade genética mesmo com todos esses fatores que comprometam a sua variabilidade. Os genótipos BGB 7 e BGB 19 e BGB 7 e BGB 70, ambos com 12,77 de distância, foram os mais divergentes da Coleção de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte e podem constituir bons genitores a fim de formar combinações híbridas e maximizar a expressão de características agronômicas desejáveis em um programa de melhoramento do bacurizeiro.

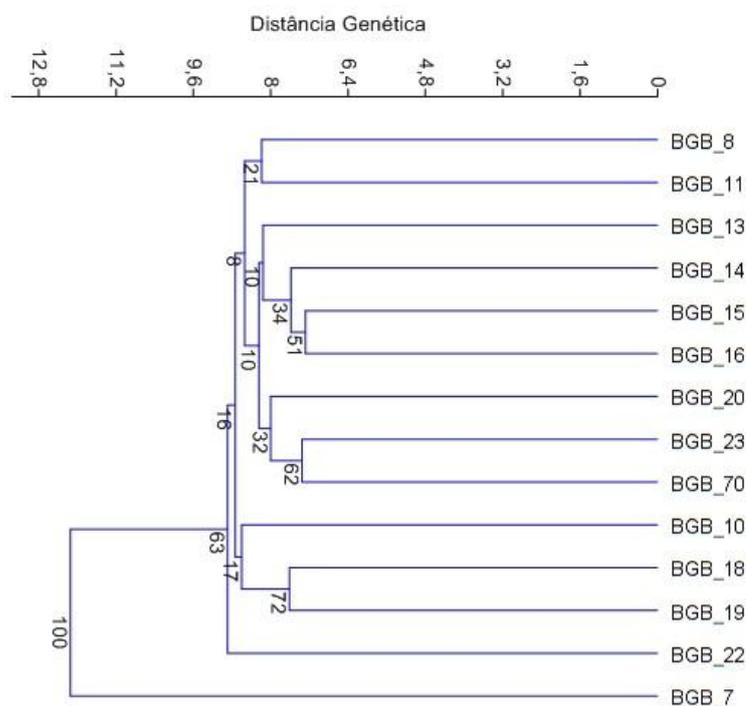
Na análise de agrupamento (Figura 1), baseada no método UPGMA, observa-se a formação de pequenos grupos de genótipos de bacurizeiro, ilustrando as diferenças genéticas. O coeficiente de correlação cofenética no valor de 0,95 ilustra uma alta correlação entre a matriz e o dendrograma.

**Tabela 1:** Matriz de distância genética entre 15 genótipos de bacurizeiros.

	BGB_7	BGB_8	BGB_10	BGB_11	BGB_13	BGB_14	BGB_15	BGB_16	BGB_18	BGB_19	BGB_20	BGB_22	BGB_23
BGB_8	10,72												
BGB_10	11,79	8,49											
BGB_11	11,05	8,19	9,11										
BGB_13	12,65	8,78	8,31	8,60									
BGB_14	12,37	8,60	8,72	7,81	7,81								
BGB_15	11,92	7,81	8,78	8,12	8,37	7,55							
BGB_16	12,61	8,37	9,06	9,11	8,31	7,62	7,28						
BGB_18	12,29	9,49	8,60	9,22	9,33	9,06	8,66	9,17					
BGB_19	12,77	9,06	8,60	8,43	8,19	7,87	8,43	8,25	7,62				
BGB_20	12,41	8,54	8,89	8,94	8,37	8,54	8,12	8,54	9,11	8,54			
BGB_22	12,37	8,83	8,94	9,33	8,78	8,49	9,43	9,49	9,06	8,83	9,00		
BGB_23	12,12	8,37	8,60	8,66	8,06	7,87	7,81	8,49	8,60	8,49	7,94	8,12	
BGB_70	12,77	8,72	8,37	9,11	8,66	8,12	7,94	8,37	9,06	8,60	8,06	8,37	7,35

### Conclusão

Os marcadores ISSR foram eficientes em identificar as distâncias genéticas entre os genótipos de Barras e esta pode ser explorada num eventual programa de conservação/melhoramento da espécie.



**Figura 1:** Dendrograma obtido pelo método UPGMA, de acordo com a matriz de distancia genética entre 15 genótipos de bacurizeiros.

### Referências Bibliográficas

- ALMEIDA, H.J.S.; COSTA, J.T.A.; BENBADIS, A.K.; INNVECCO, R.; ALOUFA, M.A.I; CARVALHO, A. C. P. P. Aplicação de marcador molecular (RAPD) para estudos da diversidade genética em bacurizeiro. In: LIMA, M. da C. (Org.) **Bacuri: Agrobiodiversidade**. São Luís: IICA., p.157-170, 2007.
- HAMMER, O.; HARPER, D.A.T.; RYAN, P.D. PAST: paleontological statistics software package for education and data analysis. **Paleont. Electron.** v.4, p.1-9, 2001.
- MELONI, M.; PERINI, D.; FILIGHEDDU, R.; BINELLI, G. Genetic variation in five mediterranean populations of *Juniperus phoenicea* as revealed by Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) markers. **Ann. Botan.** v.97, p.299-304, 2006.
- NASCIMENTO, W.M.O.; CARVALHO, J.E.U.; MÜLLER, C.H. Ocorrência e distribuição geográfica do bacurizeiro. **Rev. Brasil. Frutic.** v.29, p.657-660, 2007.
- SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. **The comparison of dendrograms by objective methods**. Taxon, Utrecht, v.11, p.30-40, 1962.
- WAUGH, R.; POWELL, W. Using RAPD markers for crop improvement. **Trends Biotechnol.** v.10, p.186-191, 1992.