

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Amazônia Oriental
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*



18º Seminário de
Iniciação Científica e
2º Seminário de Pós-graduação
da Embrapa Amazônia Oriental

ANNAIS 2014

12 a 14 de agosto

Embrapa
Belém, PA
2014



18º Seminário de Iniciação Científica e 2º Seminário de Pós-graduação da Embrapa Amazônia Oriental. 12 a 14 de agosto de 2014, Belém-PA

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE ACESSOS DE AÇAIZEIROS (*Euterpe oleracea*) PROVENIENTES DE TOMÉ-AÇU, PARÁ, POR MARCADORES MICROSSATÉLITES

Sidney V. do Nascimento¹, Maria Rosa T. da R. C², Maria do Socorro Padilha de Oliveira³

¹Bolsista Embrapa Amazônia Oriental. E-mail: svn_live@hotmail.com

²Pesquisadora A Embrapa Amazônia Oriental. E-mail: maria-rosa.costa@embrapa.br

³Pesquisadora A Embrapa Amazônia Oriental. E-mail: socorro-padilha.oliveira@embrapa.br

Resumo: Considerando a importância econômica do açaizeiro para o Estado do Pará e a atual expansão da comercialização no Brasil e exterior, faz-se necessário realizar programas de melhoramento genético que visem gerar e/ou adaptar cultivares com características que atendam demandas de mercado. Neste contexto, avaliar a variabilidade dos acessos disponíveis em Bancos de Germoplasma, ou em áreas de ocorrência natural, visando a seleção de genótipos superiores, tem sido alvo dos trabalhos desenvolvidos na Embrapa Amazônia Oriental. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética em quarenta e oito acessos de açaizeiros coletados em Tomé-açu, no Estado do Pará. A metodologia utilizada foi a PCR, com marcadores microssatélites. Os resultados obtidos mostraram valores de heterozigosidade média de 0,69, o que indica presença de variabilidade genética a ser explorada em programas de melhoramento genético para esta espécie.

Palavras-chave: diversidade genética, genética molecular, heterozigosidade, recursos genéticos

Introdução

Diante da importância econômica do açaizeiro para o Estado do Pará e da atual expansão da comercialização no Brasil e exterior, faz-se necessário realizar programas de melhoramento genético que visem gerar e/ou adaptar cultivares com características que atendam demandas de mercado. Neste contexto, avaliar a variabilidade dos acessos disponíveis em Bancos de Germoplasma, ou em áreas de ocorrência natural, visando a seleção de genótipos superiores é indispensável para o monitoramento e direcionamento dos programas de melhoramento genético nesta espécie. Os marcadores moleculares são de extrema importância na caracterização das espécies por serem informativos e sofrerem pouca influência do ambiente. Assim, este trabalho teve o objetivo de analisar a variabilidade genética de acessos de açaizeiro coletados em Tomé-açu, no Estado do Pará, por meio de marcadores microssatélites. Os resultados obtidos servirão de subsídios para orientar o programa de melhoramento genético desta espécie em andamento na Embrapa Amazônia Oriental.



18º Seminário de Iniciação Científica e 2º Seminário de Pós-graduação da Embrapa Amazônia Oriental. 12 a 14 de agosto de 2014, Belém-PA

Material e Métodos

Foram extraídos os DNAs de folíolos jovens coletados de 48 acessos de açaizeiro tipo violáceo em Tomé-açú, Pará. O material extraído foi quantificado em gel de agarose a 1% corado com brometo de etídio e as bandas comparadas com três padrões de DNA λ (50, 100 e 200ng. μ l⁻¹).

Após a extração, o DNA de cada amostra foi diluído em TE para a concentração de 10ng. μ l⁻¹. As amostras foram genotipadas para seis iniciadores SSR transferíveis de *E. edulis* para *E. oleracea* (GAIOTO et al., 2003) e usados por Oliveira et al. (2010), sendo eles os locos EE2, EE3, EE8, EE15, EE43 e EE54. O volume das reações foi de 17mL, apresentando 35ng de DNA total, 50 μ M de cada dNTP, 0,18mM de cada par de loco (*Foward* e *Reverse*), 10mg.ml⁻¹ de BSA, 1 unidade de Taq polimerase e tampão contendo MgCl₂. As amplificações foram realizadas em termociclador My Genie™ 96 Gradient Th, programado conforme Oliveira et al. (2010). O material amplificado foi separado em gel de poliacrilamida a 6%, em eletroforese vertical por uma hora e quarenta e cinco minutos (1:45min) e revelados em solução de nitrato de prata. Os alelos foram contados e se construiu a matriz binária. As estimativas de similaridades genética foram obtidas pelo coeficiente de Jaccard e agrupadas por genótipos de cada tipo no procedimento SAHN do software NTSYS-pc 2.1 pelo método UPGMA.

Resultados e Discussão

Todos os seis iniciadores SSR foram polimórficos e amplificaram 38 alelos com média de 6,3, sendo o EE54 o mais polimórfico e o EE3 o menos polimórfico com 12 e 2 alelos, respectivamente. As heterozigosidades observadas variaram de 0,20 a 0,87, sendo a média de 0,69, mostrando que há alta heterozigosidade nos locos estudados (Tabela 1).

Tabela 1 Nível de polimorfismo nos genótipos de açaizeiro selecionados em Tomé-açú, Pará, com base nos seis pares de locos microssatélites.

Loco	Nº de alelos	Ta (°C)	Ho
EE2	4	62	0,87
EE3	2	58	0,20
EE8	6	52	0,54
EE15	6	54	0,82
EE43	8	56	0,82
EE54	12	56	0,87
Total	38	-	-
Media	6,3	-	0,69

Ta =temperatura de anelamento; Ho = heterozigosidade observada.



Na matriz de similaridade genética os valores variaram de 1,00 (totalmente similares) a 0,11(altamente dissimilares) e a distância genética média de 0,44. No dendrograma foi possível observar dois grupos, sendo o primeiro formado pelo acesso sete e o segundo pelos demais acessos divididos em vários subgrupos. Apesar dos índices de divergência genética entre os genótipos serem altos, observou-se a presença de três duplicatas formadas pelos indivíduos 1 e 12, 10 e 23 e por 26 e 45 (Figura 1).

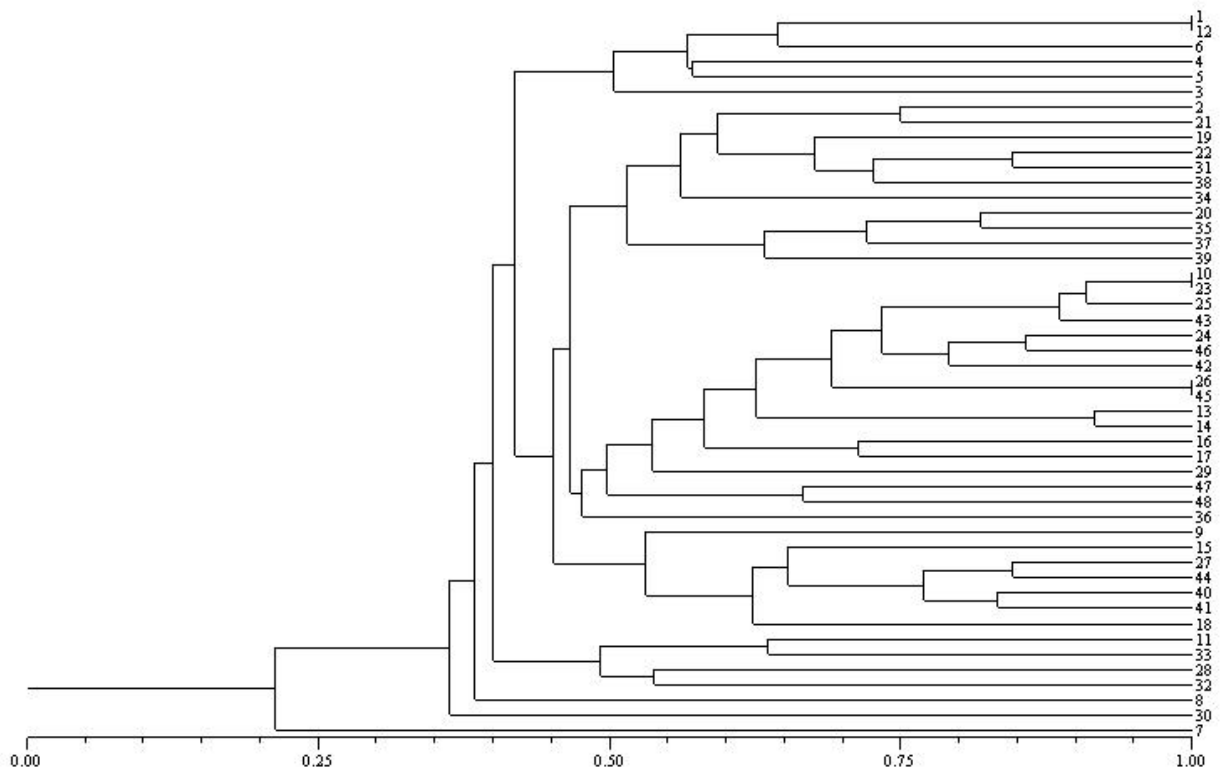


Figura 1 Dendrograma obtido a partir da análise dos dados binários para os 48 genótipos estudados. Belém, PA.

Conclusão

Os marcadores moleculares microssatélite identificaram heteroziguidade entre os genótipos, cuja variabilidade genética deve ser explorada no programa de melhoramento genético da espécie.



18º Seminário de Iniciação Científica e 2º Seminário de Pós-graduação da Embrapa Amazônia Oriental. 12 a 14 de agosto de 2014, Belém-PA

Referências Bibliográficas

GAIOTTO, F. A.; GRATTAPAGLIA, D.; VENCOVSKY, R. Genetic structure, mating system, and long-distance gene flow in heart of palm (*Euterpe edulis* Mart.) **Journal Heredit**, Carey, v. 94, p. 399-406, 2003.

OLIVEIRA, M. do S. P. de; SANTOS, J. B. dos; AMORIM, E. P.; FERREIRA, D. F. Variabilidade genética entre acessos de açaizeiro utilizando marcadores microssatélites. **Ciência & Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 5, 1253-1260, 2010.