



DIVERGENCIA GENÉTICA DE ACESSOS DE MANGABEIRA (*Hancornia speciosa*), DO LITORAL DO RIO GRANDE DO NORTE

EDIVALDO GALDINO FERREIRA¹, IONÁ SANTOS ARAÚJO², EMANUELA DE OLIVEIRA ALVES³, GIUSEPPE CAVALCANTE VASCONCELOS⁴.

¹Eng. Agr.DSc Pesquisador da EMEPA – PB, Professor FPB/Laureate International Universities Eng.Ambiental e-mail: edivaldogaldino@gmail.com

²Bióloga, Professora DSc, Universidade Federal Rural do Semi-Árido-UFERSA, e-mail: iona_saraujo@hotmail.com

³Estudante de Pós graduação, Universidade Federal do Rio Grande do Norte-UFRN, email:emanuela.biotec@gmail.com

⁴Eng. Agr.DSc Professor FPB/ Laureate International Universities – Engenharia Ambiental

Resumo: A mangabeira (*Hancornia speciosa*, Gomes), planta da família das Apocináceas, é encontrada vegetando espontaneamente em áreas da região tropical da América do Sul: Brasil, Paraguai, Venezuela, Colômbia, Peru e Bolívia. No Brasil, é encontrado com frequência nas regiões Centro-Oeste, Sudeste, Norte e com maior abundância nas áreas de tabuleiros e baixadas litorâneas do Nordeste, onde se concentra a quase totalidade da produção comercial de frutos. A pesquisa objetivou conhecer e analisar as dissimilaridades genéticas de genótipos de mangabeiras oriundos do estado do Rio Grande do Norte. O material para extração do DNA foi coletado no Jardim Clonal pertencente à EMEPA-PB, localizado na Estação Experimental Cientista Jose Irineu Cabral, no município de João Pessoa – PB. O referido material constituiu-se de folhas jovens de 10 plantas, onde foram meticulosamente retiradas, embaladas em sacos plásticos, etiquetadas e acondicionadas e levadas ao Laboratório de Biologia Molecular da Universidade Federal Rural do Semi Árido – UFERSA. A metodologia utilizada para extração do DNA foi o protocolo de Doyle & Doyle com modificações. Os dez genótipos foram analisados utilizando-se o programa Genes e dados binários, onde foi aplicado o método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method*), construído um dendrograma e observadas as dissimilaridades existentes entre os genótipos. Os coeficientes de dissimilaridades máximos foram de 0.3167 entre os genótipos 7RN e 8RN, enquanto que, a dissimilaridade mínima foi observada entre os acessos 03RN e 06RN, apresentando valores de 0.533. As distâncias genéticas variaram de 23% a 100%.

Palavras chave – mangaba, divergência, variabilidade genética

MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização do trabalho foram utilizados dez acessos de Mangabeira (*Hancornia speciosa*) de distintas localidades do litoral do Rio Grande do Norte, no qual a coleta do material

vegetal (folhas jovens) foi realizada no jardim clonal de mangabeiras da Estação Experimental da EMEPA-PB, no município de João Pessoa – PB, sendo posteriormente, transportado para o Laboratório de Fitopatologia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFRSA, Mossoró – RN, onde foram realizadas as análises moleculares.

O DNA, das folhas jovens, foi extraído de acordo com Capinan (2007). Sendo, em seguida realizada a quantificação em gel de agarose (Sigma) a 1% (p/v), corado com brometo de etídio (10 mg/mL). As reações de PCR, utilizando-se 20 iniciadores aleatórios RAPD (OPA-03, OPA-04, OPA-07, OPA-13, APAA-01, OPAA-02, OPAA-10, OPAA-11, OPAA-12, OPAA-13, OPB-14, OPD-08, OPE-14, OPE-15, OPF16, OPO-02, OPO-04, OPO-06, OPO-07, OPO-10), foram preparadas com volume final de 25 µL, conforme descrito por Ferreira e Grattapaglia (1995). Para a realização da PCR foi empregado o seguinte programa: desnaturação a 95 ° C por 5', seguida de 42 ciclos dos seguintes tempos e temperaturas: 1' a 95° C; 1' a 35° C; 2' a 72° C. Em seguida, finalizando o programa com 10' a 72° C com posterior manutenção da temperatura a 4° C.

Para verificar a qualidade da amplificação, cada amostra foi corada com 3µl de “blue juice” (TAE 10X, 0,5 mL; EDTA 0,5M, 0,4mL; SDS – 10% 0,2mL; azul de bromofenol 0,2 mL; glicerol 7,0mL; água estéril 1,7 mL), e aplicadas em gel de agarose (Sigma) a 1% em TBE 1X (EDTA 2 mM e Tris-borato 90 mM). Após a eletroforese a os géis foram banhados com brometo de etídio e as bandas de DNA foram fotodocumentadas em sistema de apropriado.

Os dados moleculares obtidos foram avaliados mediante análise estatística em que foi delimitada uma matriz binária baseada na presença (1) ou ausência (0) de marcadores RAPD, sendo essa gerada e utilizada para estimar a dissimilaridade genética entre os genótipos, empregando-se o coeficiente de Jaccard, sendo construído um dendrograma pelo critério de agrupamento hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Methodwith Arithmetic Average*), utilizando o programa Genes (CRUZ, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 20 *primers* utilizados no presente estudo foram polimórficos, e apresentou bom padrão de amplificação, o que proporcionou boa identificação de bandas. Os *primers* que apresentaram o maior e o menor número de bandas polimórficas foram: OPA-03, com 15 bandas, e o *primer* OPA-13, com cinco bandas, respectivamente.

No dendrograma pode-se observar a grande divergência genética entre os acessos estudados. Os acessos que apresentaram maior dissimilaridade genética foram os acessos 3RN e 7RN, enquanto que os mais similares geneticamente foram os genótipos 3RN e 6RN. No dendrograma observa-se a formação de cinco grupos de apenas um genótipo cada, que foram formados pelos indivíduos 7RN, 2RN, 8RN, 9RN e 10RN, mais um grupo formado pelos acessos 5RN, 4RN, 1RN, 6RN, e, 3RN. Através da Figura 1 pode-se observar a acentuada proximidade genética entre os genótipos,

do grupo 6. De acordo com os resultados, observa-se que, as maiores distâncias genéticas detectadas foram de acessos que tem sua origem em localidades e posições geográficas distintas. Neste caso, os acessos 7RN e 8RN são de localidades diferentes, e, geograficamente antagônicas. Diante desta situação pode-se afirmar que, são materiais de atributos interessantes do ponto de vista genético, devido a sua grande variabilidade, ideais para cruzamentos objetivando o melhoramento da espécie.

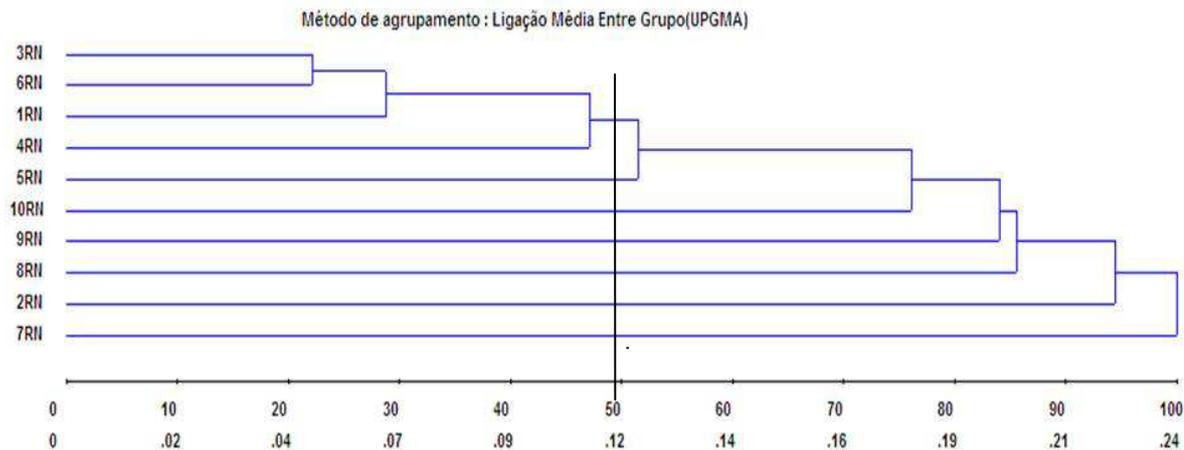


Figura 01. Padrão de dissimilaridade genética obtido entre 10 genótipos de Mangaba do Rio Grande do Norte, definidos pelo método de UPGMA. Mossoró-RN, UFERSA, 2013.

CONCLUSÕES

Observou-se que os acessos coletados do Estado do Rio Grande do Norte apresentaram variabilidade genética significativa entre si, e, demonstrando a viabilidade do uso desses genótipos de bom nível de dissimilaridade genética, para o uso em programas de melhoramento, assim como, para posteriores cruzamentos da espécie.

REFERÊNCIAS

- CAPINAN, G. C. S. **Seleção de germoplasma de mangabeira (*Hancornia speciosa gomes*) definidos por marcadores morfológicos e moleculares.** 2007. 88f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2007.
- CRUZ, G. L. **Dicionário das plantas úteis do Brasil.** Rio de Janeiro: Civilização Brasileira, 1979. 599p. p.442: Mangaba brava.
- CRUZ, C. D. **Programa genes: estatística experimental e matrizes.** Viçosa: UFV, 285p. 2006.
- DOYLE, J. J. T.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Ithaca, v. 12, p. 13-18, 1990.
- FERREIRA, M.E., GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética.** 1. ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1995. 220p.