



ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DA MANGABEIRA (*Hancornia speciosa*), DO LITORAL DA PARAÍBA

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 fruticultura desempenha um papel importante no cenário socioeconômico do Brasil, onde detemos um dos principais centros de diversidade genética de espécies frutíferas nativas do mundo. Dentre as frutíferas que apresentam grande potencial de produção, a mangabeira (*Hancornia speciosa*, Gomes) destaca-se pelas características sensoriais dos seus frutos (FERREIRA, 2009). O presente estudo teve como objetivo conhecer as dissimilaridades genéticas de genótipos de mangabeiras oriundos do estado da Paraíba. O material para extração do DNA foi coletado no Banco de germoplasma pertencente à EMEPA-PB, localizado na Estação Experimental Jose Irineu Cabral, no município de João Pessoa – PB. O referido material constou de folhas jovens de 10 plantas, que foram cuidadosamente retiradas, embaladas em sacos plásticos, etiquetadas e acondicionadas em caixas térmicas para melhor conservação 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. Dentre os acessos estudados, o de maior dissimilaridade foi o 6PB, e os de mínima dissimilaridade foram os genótipos 8PB e 10PB. O padrão de dissimilaridade genética obtido entre os 10 genótipos oriundos da Paraíba definido pelo método UPGMA, obteve nível máximo de dissimilaridade de 0,92625 entre os genótipos 6PB e 7PB, enquanto o nível mínimo ficou com 0,7618 entre os genótipos 8PB e 10PB.

Palavras chave – mangaba, DNA, germoplasma, variabilidade genética

MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização do trabalho foram utilizados dez acessos de Mangabeira (*Hancornia speciosa*) de distintas localidades do litoral da Paraíba, 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 – UFERSA, 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 apresentaram 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. Foram obtidas 186 marcas, sendo que destas, 106 (56,98%) foram monomórficas e 80 foram polimórficas (43,01%).

No dendrograma pode-se observar a formação de um único grupo (Figura 1). Este grupo foi formado pelos indivíduos 8PB, 10PB, 2PB, 5PB, 9PB, 1PB, 4PB, 3PB, 7PB e 6PB. Através da Figura 1 pode-se observar a acentuada proximidade genética entre os genótipos, onde a máxima

dissimilaridade genética é de 0,92625 entre os genótipos 6PB e, 8PB, e a mínima dissimilaridade ocorreu entre os genótipos 8PB e 10PB. Essa informação é de grande importância para a verificação do nível de similaridade genética dos genótipos estudados, podendo dessa forma, auxiliar em futuros programas de melhoramento genético e preservação de genótipos de mangabeira desse Estado.

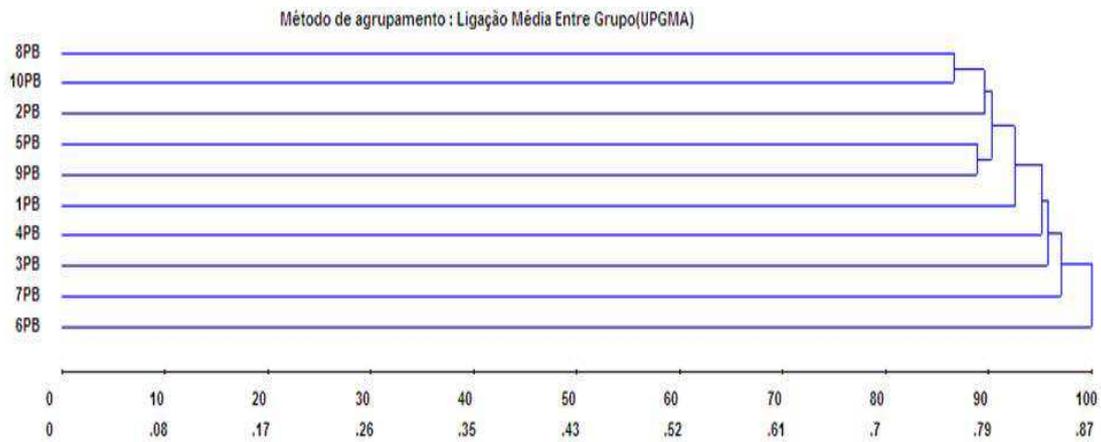


Figura 1. Padrão de dissimilaridade genética obtido entre 10 genótipos de Mangaba (*Hancornia speciosa*) da PB definidos pelo método de UPGMA, em que há máxima (.92625) dissimilaridade entre os genótipos 6PB e 7PB, e, mínima dissimilaridade (.7618) entre os genótipos 8PB e 10PB. Mossoró-RN, UFERSA, 2013.

CONCLUSÕES

Observou-se que os acessos coletados do Estado da Paraíba não apresentaram variabilidade genética significativa entre si, e, sendo assim, demonstra a necessidade do uso de genótipos de outros Estados, e que apresentem um bom nível de dissimilaridade genética, para o uso em programas de melhoramento, e para futuros 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.
- FERREIRA, E. G.; BRASIL. MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Produção Integrada no Brasil: agropecuária sustentável, alimentos seguros/Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Desenvolvimento**

Agropecuário e Cooperativismo. Brasília: Mapa/ACS, 2009. Cap. 22, p. 665-683.1008 p. ISBN 978-85-99851-50-0.

FERREIRA, M.E., GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética**. 1. ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1995. 220p.