

Título

Caracterização molecular de genótipos do gênero *Manihot* Mill (Euphorbiaceae) por meio de marcadores RAPD

Resumo

tt

Trabalhos

Título

Caracterização molecular de genótipos do gênero *Manihot* Mill (Euphorbiaceae) por meio de marcadores RAPD

Autor(es)

THAMYRES CARDOSO DA SILVEIRA

Carlos Alberto da Silva Ledo

LÍVIA DE JESUS VIEIRA

Claudia Fortes Ferreira

Resumo

Espécies silvestres do gênero *Manihot* são importantes reservatórios de alelos de interesse a serem transferidos para espécies cultivadas visando o desenvolvimento de variedades melhoradas que sejam mais resistentes a fatores bióticos e abióticos e que expressem maior produtividade. A caracterização é um ponto de partida para o conhecimento da variabilidade sendo indispensável para o manejo de coleções de germoplasma. O marcador molecular RAPD tem sido muito utilizado em estudos de diversidade em função de ser pouco oneroso, gerar alto grau de polimorfismo e poder ser utilizado em qualquer espécie. Este trabalho tem por objetivo caracterizar molecularmente genótipos do gênero *Manihot* com o intuito de avaliar a variabilidade genética disponível para ser explorada dentro do programa de melhoramento genético de mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para isso, foram caracterizados, por meio do marcador RAPD, 20 genótipos do gênero *Manihot*, sendo 10 espécies silvestres e 10 cultivares de mandioca, oriundos da coleção de trabalho da Embrapa. Obteve-se um pool de DNA de cada genótipo (20 plantas). Quinze iniciadores foram utilizados nesse estudo, com as seguintes condições de reação: KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), MgCl₂ 2,4 mM, 100 μ M de cada dNTP (dATP, dTTP, dGTP, dCTP), 0,2 μ M do iniciador 25 ng do DNA e uma unidade de Taq polymerase (Biosystems). As amplificações foram conduzidas em termociclador PCR System 9600 thermocycler com o seguinte programa de amplificação: uma etapa inicial de desnaturação do DNA a 95 \square C por 1 min., seguido de 45 ciclos, cada um consistindo de: desnaturação a 94 \square C por 1 min.; pareamento do primer a 35 \square C por 1 min. e

extensão do fragmento de DNA pela Taq polimerase a 72°C por 2 min. Os fragmentos amplificados foram separados em gel de agarose 1.5%, 1X TBE (EDTA 2 mM e Tris-borate 90 mM), contendo brometo de etídio, 0,5 µl mL⁻¹ e os géis fotografados com o sistema Kodak de fotodocumentação. Os dados obtidos foram submetidos à análise multivariada de agrupamento a partir da matriz de distância calculada pelo índice de dissimilaridade de Jaccard. Os agrupamentos hierárquicos foram obtidos pelo método UPGMA e a validação dos agrupamentos determinada pelo coeficiente de correlação cofenético. Os 15 iniciadores geraram um total de 165 bandas polimórficas, com uma média de 11 bandas por iniciador. O iniciador OPI 11 apresentou o maior número de bandas (17) e o iniciador OPAL 7 o menor número de bandas (7). Baseando-se no critério do ponto de fusão, verificou-se a formação de dez grupos entre os genótipos avaliados. A menor distância genética foi verificada entre as cultivares de mandioca Jaboti e Xingu (0,22) e a maior distância genética entre as espécies que tem como sigla FRF 1522 e Man 065 (0,90). O valor do coeficiente de correlação cofenético foi de 0,96**, indicando alta correlação entre a matriz de distância original e a matriz de agrupamento. O marcador molecular RAPD mostrou-se eficiente na separação dos genótipos demonstrando existir variabilidade genética que pode ser explorada no programa de melhoramento genético de mandioca da Embrapa.

Palavras-Chaves

- 1 - Diversidade
- 2 - Melhoramento
- 3 - Análise de agrupamento