



DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE BANANEIRA POR MEIO DE VARIÁVEIS MORFOAGRONÔMICAS E MOLECULARES

RAFAELLA DE LIMA ROQUE¹; TAMYRES BARBOSA DO AMORIM²; EDSON PERITO AMORIM³; CLÁUDIA FORTES FERREIRA³; CARLOS ALBERTO DA SILVA LEDO³

INTRODUÇÃO

A cultura da banana possui grande importância econômica e social, presente na mesa de todas as camadas sociais da população. O Brasil é o sexto maior produtor do mundo com uma produção de 6.978.310 toneladas em uma área cultivada de 486.991ha (FAO, 2012).

A caracterização é uma atividade primordial na geração de conhecimentos de germoplasma por identificar, descrever e diferenciar os genótipos de qualquer espécie, auxiliando, no manejo do germoplasma e no fornecimento de informações ao melhoramento genético (VICENTE et al., 2005).

O estudo com marcadores moleculares permitem maiores informação de dados, que, quando associadas aos dados fenotípicos, complementam os resultados desejados para os programas de melhoramento, facilitam o planejamento de cruzamentos, o agrupamento de genótipos e a identificação de híbridos (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998).

Este trabalho teve como objetivo caracterizar conjuntamente a diversidade molecular e morfoagronômica presente em 21 genótipos de bananeira.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para obtenção dos dados morfoagronômicos foram avaliadas as seguintes variáveis: altura da planta (m); diâmetro do pseudocaule (cm); data da floração; número de folhas vivas na floração e colheita; data da colheita; comprimento do engaço (cm); diâmetro do engaço (cm); peso do cacho (kg); peso de pencas (kg); peso médio de frutos (g); número de pencas; número de frutos por cacho; comprimento do fruto (cm); diâmetro do fruto (cm); espessura da casca (mm); comprimento do pedicelo (cm); diâmetro do pedicelo (cm). As medições referentes aos frutos foram realizadas na segunda penca de cada cacho.

¹ Bióloga., estudante de pós-graduação, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia-BA, e-mail: rafaella_roque@hotmail.com

² Eng. Agr., estudante de graduação, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia-BA, e-mail: tamyufrb@yahoo.com.br

³ Eng. Agr., pesquisador Embrapa Mandioca e Fruticultura-BA, e-mail: edson@cnpmf.embrapa.br

Os dados moleculares foram obtidos a partir da extração de DNA das folhas jovens dos genótipos de bananeira usando método CTAB (DOYLE; DOYLE, 1990). As reações de amplificação via SSR's foram completadas para o volume final de 15 µL. O programa básico constituiu-se por uma desnaturação inicial de 94°C por 3 min e 30 ciclos de 94°C por 40 s, temperatura específica para cada primer microssatélite (CNPMF 5-56°, MASR 166-56°, MASR 160-56°, MaOCEN 1-59°, MASR 149-59°, Ma 1/24-60°, AGMI 101/102-54°, AGMI 103/104-59°) por 40 s, 72° por 1min para finalizar o anelamento e uma extensão final de 4 min a 72° C. Após a amplificação, os produtos foram separados em gel de agarose Ultrapura Invitrogen a 3%, corado com brometo de etídio (1,0 µg mL⁻¹). Como padrão de peso molecular foi utilizado o marcador Ludwig 50pb (Ludwig Biotecnologia LTDA) para comparação do tamanho dos alelos.

Foi realizada análise conjunta com marcadores morfoagronômicos quantitativos e moleculares. A distância genética para a análise conjunta das variáveis quantitativas (morfoagronômicas e moleculares), foram realizadas com base no algoritmo de Gower (1971), por meio do programa R; já a correlação das matrizes foi obtida por meio do Software Genes (CRUZ, 2005).

O delineamento estatístico foi o de blocos casualizados, com 21 genótipos de bananeira (Pacovan Ken, Pacovan, Tropical, Garantida, Enxerto, Japira, Bucaneiro, Princesa, Caipira, FHIA 17, YB4217, Preciosa, YB4203, YB4247, FHIA 23, Maravilha, PA9401, Calipso, grande Naine, FHIA 18, Prata Anã), distribuídos em 3 blocos com quatro plantas úteis.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A correlação entre as matrizes provenientes de dados morfoagronômicos e moleculares, foi baixa 0,27, indicando que os primers utilizados com suas respectivas sequências provavelmente não estejam associados às características agronômicas avaliadas, fato que justifica a análise conjunta dos dados. Uma caracterização mais completa dos genótipos e dos padrões da diversidade genética contribui na determinação de estratégias futuras para o melhoramento e facilita a introgressão de diversidade no germoplasma estudado (GONÇALVES, 2008).

O dendrograma gerado com base nos dados morfoagronômicos e moleculares dos 21 genótipos considerando a análise conjunta e o algoritmo de Gower, proporcionou a formação de grupos baseados em subgrupos usados na classificação da bananeira (Figura 1).

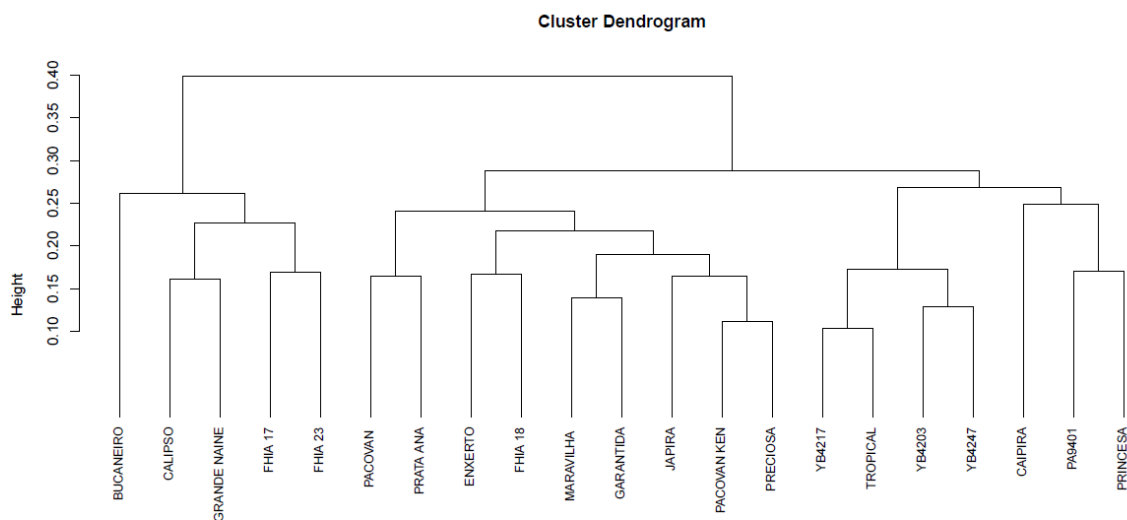


Figura 1 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA a partir da medida de dissimilaridade de Gower entre 21 genótipos de bananeira caracterizadas por variáveis morfoagronômicas e moleculares conjuntamente.

O dendrograma gerado agrupou os tetraploides Bucaneiro, Calipso e FHIA 23 pertencentes ao subgrupo Gros Michel, já os genótipos FHIA 17 e Grande Naine, embora estejam agrupadas com os genótipos do subgrupo Gros Michel, pertencem ao subgrupo Cavendish. As cultivares Pacovan, Prata Anã, Enxerto, FHIA 18, Maravilha, Garantida, Japira, Pacovan Ken e Preciosa se agruparam formando o subgrupo Prata.

As variedades com código YB, Tropical e Princesa são oriundos de Yangambi Km 5 e possuem os mesmo parentais (Yangambi nº2 e o diploide M53), enquanto que caipira possui o mesmo local de origem fato que justifica seu agrupamento.

CONCLUSÕES

Com base na correlação das matrizes, a análise conjunta é eficiente na análise dos dados, permitindo uma melhor compreensão da diversidade genética em bananeira. O agrupamento com base no algoritmo de Gower proporcionou o agrupamento dos genótipos de acordo com seus subgrupos.

REFERÊNCIAS

CRUZ, C. D. Programa genes: **análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, p. 175, 2006.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v.12, p.13-15, 1990.

FAO. Food and agriculture organization of the United Nations. Acessado em: 05/08/2012. Disponível em < faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor >

FERREIRA, M.E; GRATAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3. ed., **Brasília: Embrapa-Cenargen**. 1998.

GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. P. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 7, n. 4, p. 1289-1297, 2008.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Arlington, v. 27, n. 3, p. 857-871, 1971.

VICENTE, M.C. de; GUZMÁN, F.A.; ENGELS, J.; RAMANATHA RAO, V (2005). Genetic Characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. In: THE ROLE OF BIOTECHNOLOGY, Turin. **Proceedings...** Turin. p.121-128, 2005.