

MEMORIA

IX Simposio Internacional de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe El Salvador 2013

ANÁLISIS DE LA DISTRIBUCIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA EN ACCESIONES DE COCOTERO GIGANTE CONSERVADOS EN TERRITORIO BRASILEÑO.

Semíramis R. Ramalho Ramos¹, Carina Mendes Loiola², Wilson Menezes Aragão³, Leandro E. C. Diniz⁴, Paulo Manoel P. Lins⁵, Messias Gonzaga Pereira⁶, Alinne de oliveira Nunes⁷, Helaine Christine C. Ramos⁸, Carlos Diego O. Azevedo⁹, Pedro Henrique A. D. Santos¹⁰

La palma de cocotero (*Cocos nucifera* L.), representa aproximadamente el 70% de la explotación de coco en Brasil. Sin embargo, todavía son incipientes la información acerca de la distribución de la variabilidad genética en las poblaciones brasileñas de cocotero gigante. Marcadores moleculares como microsatélites (SSR's) es una de las técnicas adecuadas para este tipo de estudios, ya que son abundantes en el genoma de las plantas, la naturaleza polimórfica dominante y muestran un amplio espectro de la diversidad. El objetivo de este estudio ha sido analizar la variabilidad genética de la población original de cocotero gigante denominado cocotero Gigante do Brasil da Praia do Forte (GBrPF-PO), que se encuentra en la costa de Bahía, Brasil, y cuatro accesiones procedentes de esta población, que son conservadas en cuatro bases físicas: Pará (GBrPF-PA), Ceará (GBrPF-CE) y Sergipe (GBrPF-CEB e GBrPF-CEI). En Sergipe, las accesiones se mantienen en el Banco Internacional de Coco para América Latina y el Caribe (ICG-LAC). Se analizaron 10 plantas de cada base física y se usaron 25 primers específicos de SSR. Dieciocho primers fueron polimórficos y no hubo entre 3 y 8 alelos por locus, con un promedio de 5.05. El valor de contenido de información polimórfica (PIC) fue de 0,22 a 0,80. La heterocigosidad observada y esperada osciló entre 0,557 y 0,596 (GBrPF-PO) y 0,426 (GBrPF-CEB) a 0,517 (GBrPF-PA), con una media de 0,569 y 0,482, respectivamente. El análisis de agrupamiento (UPGMA) reveló la formación de tres grupos principales, uno que contiene las accesiones GBrPF-PO y GBrPF-CEB; el segundo grupo con GBrPF-PA e el tercero, con GBrPF-CE e GBrPF-CEI agrupados. Las accesiones GBrPF-CEB y GBrPF-PA mostraron una mayor similitud con la población original. Los resultados indican que estas dos accesiones representan mejor la variabilidad genética de la población original del cocotero ubicado en Praia do Forte.

1, 2, 3, 4, 5...