

MEMORIA

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

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE ACCESIONES DE COCOTEROCONSERVADOS DEBANCOINTERNACIONALDECOCOPARA AMÉRICALATINA YEL CARIBE

Carina Mendes Loiola¹, Semíramis R. Ramalho Ramos², Leandro E. C. Diniz³, Messias Gonzaga Pereira⁴, Helaine Christine C. Ramos⁵, Alinne de oliveira Nunes⁶, Carlos Diego O. Azevedo⁷, Pedro Henrique A. D. Santos⁸

El Banco Internacional de Cocotero (*Cocos nucifera* L.) para América Latina y el Caribe (ICG -LAC), ubicado en Embrapa, Brasil, mantiene la variabilidad genética de las especies a través de la conservación de las accesiones de la palma de cocotero gigante y enano. Además de la conservación de las accesiones, el ICG tiene como objetivo hacer la gestión del germoplasma, principalmente relacionados con la caracterización y evaluación de las accesiones. Para el uso más amplio posible de las accesiones conservadas, la variabilidad genética ha sido investigada por el uso de técnicas basadas en el análisis del ADN. En este sentido, el objetivo de este estudio fue analizar las relaciones genéticas entre las accesiones de la palma de cocotero gigante mediante el uso de marcadores moleculares. Se analizaron 10 plantas de cada accesión de cocotero: gigante do Brasil da Praia do Forte (GBrPF), Gigante do Brasil de Merepe (GBrMe), Gigante da Malasia (GML), Gigante de Vanuatu (GVT), Gigante do Oeste Africano (GOA), Gigante da Polinésia (GPY), Gigante de Rennel (GRL), Gigante de Tonga (GTG) y el Gigante de Rotuma (GRT) por 25 *primers* SSR específicos. Diecinueve *primers* fueron polimórficos y fue detectada entre 4 y 10 alelos por locus, con un promedio de 6,4. El valor de contenido de información polimórfica (PIC) fue de 0,44 hasta 0,82. La heterocigosidad observada y esperada osciló entre 0,40 y 0,25 (GRL) y 0,62 y 0,54 (GPY), un promedio de 0,53 y 0,40, respectivamente. El análisis de agrupamiento (UPGMA) reveló la formación de dos grupos principales. En el grupo I, las accesiones se agruparon en tres subgrupos. La primera, con acceso GRT, GPY y GTG, el segundo con acceso GRL y el tercer grupo fue formado por las adhesiones GML y GVT. En el grupo II, las accesiones fueron separadas en dos grupos: el primero con el GOA y el segundo, con las poblaciones brasileñas (GBrPF y GBrMe). Los resultados indican que existe variabilidad genética entre las accesiones y que estas pueden ser utilizadas en los programas de mejoramiento.

^{1,2,3}Embrapa Tabuleiros Costeiros, SE, Brasil; ^{4,5,6,7,8}Universidade Estadual do Norte Fluminense, RJ, Brasil.
Agradecimientos: PROBIO II.