

Diversidade genética estimada por meio de variáveis quantitativas e moleculares em acessos de coqueiro-gigante

Carina M. Loiola¹; Semíramis R. Ramalho Ramos²; Wilson Menezes Aragão³; Helaine C. C. Ramos⁴; Messias G. Pereira⁴; Paulo M. P. Lins⁵; Leandro E. C. Diniz²; Alinne de O. Nunes⁶; Carlos Diego O. Azevedo⁶; Pedro Henrique A. D. Santos⁶

¹Discente, Embrapa Tabuleiros Costeiros. Av. Beira Mar, 3250. CEP: 49025-040, Aracaju, SE. carina_loiola@yahoo.com.br; ²Pesquisador, Embrapa Tabuleiros Costeiros. Av. Beira Mar, 3250. CEP: 49025-040. Aracaju, SE, semiramis.ramos@embrapa.br; leandro.diniz@embrapa.br. ³Empresa Pomar do Brasil LTDA, Aracaju, SE. ⁴Docente, Universidade Estadual do Norte Fluminense. Av. Alberto Lamego, 2000, CEP: 28013-602, Campos dos Goytacazes, RJ. ⁵Eng. Agrônomo, Sococo Agroindústria da Amazônia. CEP: 67033-310, Ananindeua, PA. ⁶Discente, Universidade Estadual do Norte Fluminense.

Palavras chave: análise multivariada, recursos genéticos, marcadores moleculares

Introdução

A análise da distância genética é uma ferramenta auxiliar de grande importância em programas de melhoramento e um importante elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos (MOHAMMADI e PRASANNA, 2003). Os marcadores morfológicos associados aos moleculares estão entre as ferramentas mais utilizadas para a estimativa da diversidade (MÁRIC et al., 2004), contribuindo nas diferentes etapas dos programas de melhoramento, por permitir a determinação das singularidades e diferenças em relação à constituição genética e fenotípica de genótipos (FRANCO et al., 2001). Estudos que visam à utilização conjunta de dados agrônomicos e moleculares para acessar a diversidade genética de genótipos utilizados em programas de melhoramento são escassos. O objetivo do trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre acessos de coqueiro-gigante, por meio da análise simultânea de variáveis quantitativas e moleculares.

Material e Métodos

Os acessos avaliados localizam-se em diferentes áreas do território nacional: a primeira, correspondente à população original, localizada no litoral norte da Bahia (GBrPF-PF); a segunda, dois acessos no Banco Ativo de Germoplasma localizado em duas bases físicas, município de Itaporanga D'Ajuda (GBrPF-CJ) e outra no município de Neópolis (GBrPF-B1), Sergipe; a terceira, no Ceará (GBrPF-CE) e a quarta, no Pará (GBrPF-PA). Foram analisados dez indivíduos de cada localidade por meio de 16 descritores quantitativos (IPGRI, 1995). Para a análise molecular foram utilizados 18 *primers* SSR (*Simple Sequence Repeats*). A distância genética para a análise conjunta foi realizada com base no algoritmo de Gower (1971) e o agrupamento foi feito pelo método UPGMA (*Unweighed Pair Group Method using Arithmetic Averages*). As matrizes de distância foram comparadas usando a correlação de Mantel, por meio de 1000 permutações. A validação do agrupamento foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC). As análises foram realizadas por meio do programa R.

Resultados e Discussão

A estimativa da correlação de Mantel entre as matrizes de distâncias mostrou maior concordância entre a matriz conjunta e a matriz dos dados moleculares. O dendrograma gerado com base na matriz conjunta dos dados, através do algoritmo de Gower, proporcionou a formação de 15 grupos, com distância média entre os indivíduos de 0,44 e a correlação cofenética de 0,68 (Figura 1).

Verificou-se que os grupos I, IV e VII aglomeraram maior número de indivíduos procedentes das três localidades (GBrPF-CE, GBrPF-PF e GBrPF-B1), indicando maior proximidade genética entre os mesmos. Os demais grupos foram formados por um (V, X e XV) a cinco indivíduos (II). Constatou-se variabilidade genética entre os indivíduos. A análise conjunta dos dados por meio da utilização do algoritmo de Gower foi eficiente na formação de grupos distintos.

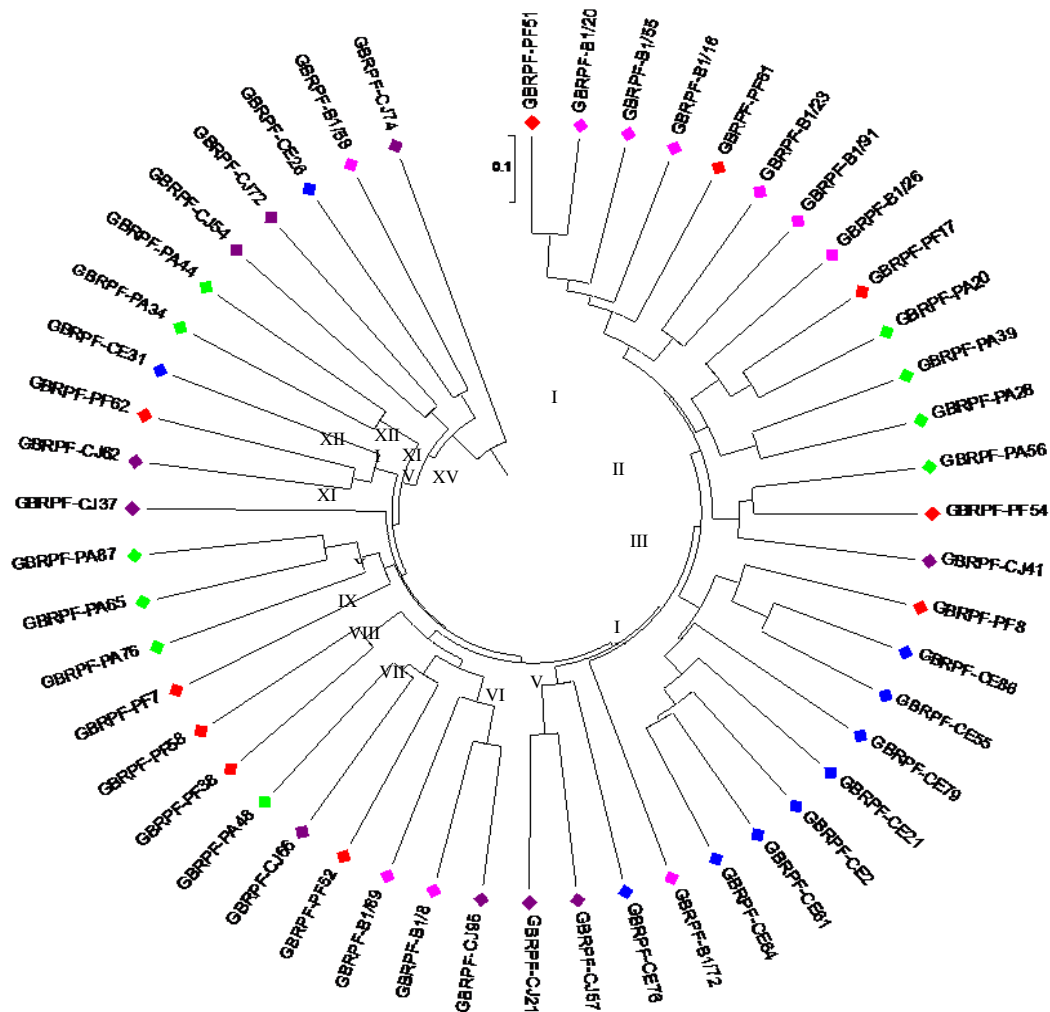


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método UPGMA na análise de 50 indivíduos de cinco acessos de coqueiro-gigante-do-Brasil-da-Praia-do-forte por meio da distância de Gower.

Conclusões

A análise pelo algoritmo de Gower foi eficiente em expressar o grau de diversidade genética entre os indivíduos de coqueiro-gigante-do-Brasil-da-Praia-do-Forte, demonstrando que a análise simultânea proporciona eficiência no conhecimento da diversidade genética.

Referências

- FRANCO, F.; CROSSA, J.; RIBAUT, J. M.; BETRAN, J.; WARBURTON, M. L.; KHAIRALLAH, M. A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. **Theoretical and Applied Genetic**, v. 103, p. 944-952, 2001.
- GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Arlington, v. 27, n. 3, p. 857-871, 1971.
- MÁRIC, S.; BOLARIC, S.; MARTINCIC, J.; PEJIC, I.; KOZUMPLIK, V. Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage. **Plant Breeding**, v.123, p. 366-369, 2004.
- MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, Madison, v.43, n.4, p.1235-1248, 2003.