



DETERMINAÇÃO DA COLEÇÃO NUCLEAR DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE AMENDOIM FORRAGEIRO

1 **RESUMO:** É preciso conhecer a biodiversidade para garantir o manejo adequado entre
2 homem e ambiente. As coleções nucleares são constituídas por um grupo de genótipos,
3 derivados de uma coleção de germoplasma, escolhidos para representar a variabilidade
4 genética existente. O objetivo deste trabalho foi determinar a coleção nuclear do banco ativo
5 de germoplasma de amendoim forrageiro (*Arachis pintoi* e *Arachis repens*), por meio de
6 marcadores microssatélites. O estudo foi realizado com 84 acessos de *A. pintoi* e 23 acessos
7 de *A. repens*. Foram obtidos 192 alelos a partir da genotipagem com 10 locos microssatélites.
8 A coleção nuclear foi representada por 15 acessos, sendo 14 da espécie *A. pintoi* e um acesso
9 da espécie *A. repens*. Concluiu-se que a coleção nuclear de amendoim forrageiro pode ser
10 representada por aproximadamente 15% do total dos genótipos disponíveis.

11 **Palavras-chave:** amendoim forrageiro, banco de germoplasma, coleção nuclear, conservação
12

13 DETERMINATION OF CORE COLLECTION OF FORAGE PEANUT 14 GERMPLASM

15
16 **ABSTRACT:** We must know the biodiversity to ensure adequate management between
17 human and environment. The core collection represents a group of genotypes derived from a
18 germplasm collection, chosen to represent the genetic variability available. The objective of this
19 study was to determine the core collection of active germplasm of forage peanut (*Arachis*
20 *pintoi* and *Arachis repens*), using microsatellite markers. The study was conducted with 84 *A.*
21 *pintoi* 23 accesses and *A. repens*. We obtained 192 alleles from genotyping with 10
22 microsatellite loci. The core collection was represented by 15 genotypes, including 14 of *A.*
23 *pintoi* and one access of *A. repens*. It means that the forage peanut core collection is
24 represented by approximately 15% of the total available genotypes.

25 **KEYWORDS:** forage peanut, germplasm bank, core collection, conservation
26

27 INTRODUÇÃO

28 Para garantir a relação adequada homem-ambiente, é preciso conservar e conhecer a
29 nossa biodiversidade. A conservação da diversidade do gênero *Arachis* em bancos ativos de
30 germoplasma (BAG) pode ser encontrada na Índia, Estados Unidos, Argentina, Bolívia, Brasil
31 e Colômbia. No Brasil, há mais de 1.280 acessos de espécies do gênero *Arachis* e abrange 74
32 das 81 espécies descritas do gênero em bancos de germoplasma.

33 Atualmente, mais de 150 acessos de amendoim forrageiro da seção *Caulorrhizae* (*A.*
34 *pintoi* e *A. repens*) já foram coletados em diversas regiões brasileiras e são mantidos em



35 bancos de germoplasma na Embrapa Acre e na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
36 O primeiro acesso de *A. pintoii* (GK 12787) foi coletado em 1954, junto à foz do rio
37 Jequitinhonha na Bahia. E o primeiro acesso de *A. repens* (GKP 10538) foi coletado em 1941,
38 em Jequitá em Minas Gerais. Estudos de caracterização morfológica, agrônômica e molecular
39 vêm sendo realizados com os acessos desta coleção. No entanto, estudos para determinar a
40 coleção nuclear não haviam sido realizados.

41 As coleções nucleares são constituídas por um grupo limitado de acessos, derivados de
42 uma coleção de germoplasma, e escolhidos para representar a variabilidade genética da
43 coleção inteira. Por se tratar de um número reduzido de acessos, seu manuseio tem menor
44 custo, o que facilita a manutenção e o intercâmbio entre instituições de pesquisa. O objetivo
45 deste trabalho foi determinar a coleção nuclear de amendoim forrageiro do BAG presente na
46 Embrapa Acre, por meio de marcadores moleculares microssatélites.

47

48 MATERIAL E MÉTODOS

49 O estudo foi realizado com 84 acessos de *A. pintoii* e 23 acessos de *A. repens*
50 pertencentes ao BAG situado na Embrapa Acre. Para a extração de DNA, foram coletadas
51 folhas jovens em microtubos de 2 mL. O DNA genômico total foi extraído e quantificado em
52 agarose (1%). Foram utilizados 10 microssatélites (PALMIERI et al., 2002, 2005; GIMENES
53 et al., 2007).

54 Os fragmentos amplificados foram separados em gel desnaturante de poliacrilamida
55 (5%). Após a corrida, foi realizada a coloração com nitrato de prata. O *software* CoreFinder
56 foi utilizado para determinar a coleção nuclear.

57

58 RESULTADOS E DISCUSSÃO

59 Foram verificados 192 alelos nos 10 locos microssatélites, que estão representados por
60 41 acessos (Tabela 1). Destes, 33 acessos são da espécie *A. pintoii* e oito acessos da espécie *A.*
61 *repens*. Esta análise considerou o número de genótipos necessários para conservação de 100%
62 da diversidade genética encontrada a partir dos dados moleculares (Figura 1). Assim, esta
63 coleção seria representada por aproximadamente 39% do total de acessos do BAG.

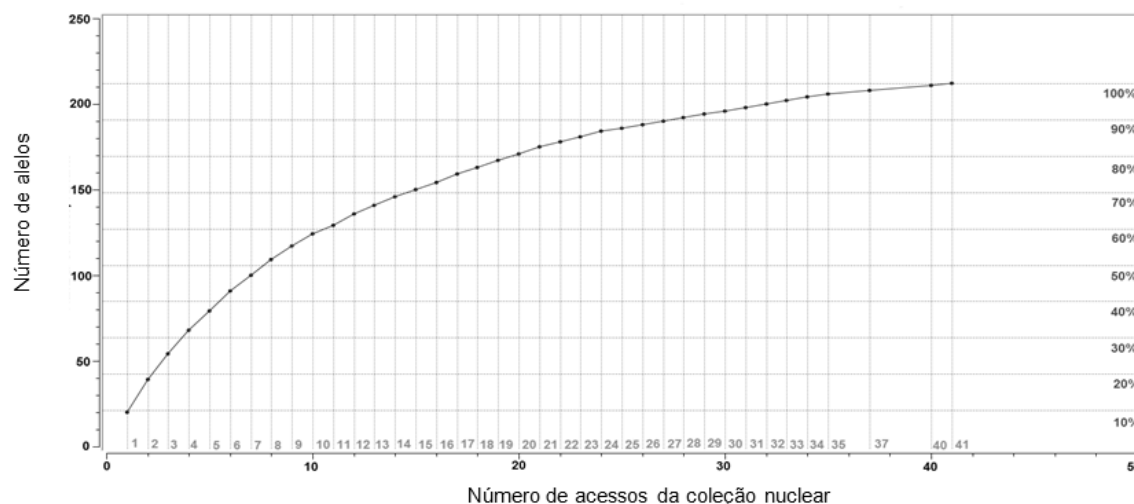
64

65

66

67

68



69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84
85
86
87
88
89
90
91
92
93
94
95
96
97

Figura 1. Número total de acessos e porcentagem de alelos incluídos na coleção nuclear de amendoim forrageiro. Embrapa, 2014.

Ao fixar a representação de 70% da diversidade genética, a análise indica que 15 genótipos (15% da subamostra) compõem a coleção nuclear, sendo 13 acessos de *A. pintoi* e um acesso de *A. repens* (Tabela 1). Brown e Spillane (1999) sugerem que o tamanho da coleção nuclear deve representar de 5% a 15% da coleção total.

Alguns acessos que constituíram a coleção nuclear apresentam características morfológicas contrastantes quando comparados com outros acessos BAG. O acesso BRA 012122 apresentou maior média para o comprimento do folíolo basal (MENEZES et al., 2012). O BRA 031097 é o único acesso do BAG que apresenta flor de cor branca e o acesso BRA 031143 apresenta florescimento precoce. O BRA 031828 cv. Belmonte diferencia-se por ser propagado vegetativamente e produzir um número muito baixo de sementes.

Atualmente, todos os acessos do BAG passam por avaliações morfológicas, agrônomicas e bromatológicas. Estudos de diversidade genética baseados em tais características são usualmente empregados para selecionar genótipos superiores e divergentes. Dessa forma, a avaliação de um grande número de acessos demanda recursos humanos e financeiros.

98 **Tabela 1.** Identificação dos acessos de amendoim forrageiro para formação da coleção
99 nuclear do BAG da Embrapa Acre. Embrapa, 2014.

BRA	Espécie	BRA	Espécie
012122 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	030899	<i>Arachis pintoi</i>
034142 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	041475	<i>Arachis pintoi</i>
031461 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	033375	<i>Arachis pintoi</i>
037443 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	030635	<i>Arachis pintoi</i>
032450 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	039195	<i>Arachis pintoi</i>
032280 ^{CN}	<i>Arachis repens</i>	014788	<i>Arachis repens</i>
040193 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	034363	<i>Arachis repens</i>
Desconhecido ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	039985	<i>Arachis pintoi</i>
031828 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	Desconhecido	<i>Arachis pintoi</i>
030325 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	042251	<i>Arachis repens</i>
031577 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	015083	<i>Arachis pintoi</i>
015598 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	036561	<i>Arachis pintoi</i>
031097 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	034193	<i>Arachis pintoi</i>
031143 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	031577	<i>Arachis pintoi</i>
040045 ^{CN}	<i>Arachis pintoi</i>	020401	<i>Arachis pintoi</i>
032387	<i>Arachis repens</i>	012106	<i>Arachis repens</i>
030635	<i>Arachis pintoi</i>	014991	<i>Arachis pintoi</i>
030945	<i>Arachis pintoi</i>	031895	<i>Arachis repens</i>
Desconhecido	<i>Arachis pintoi</i>	015580	<i>Arachis pintoi</i>
030929	<i>Arachis pintoi</i>	032352	<i>Arachis repens</i>
036544	<i>Arachis pintoi</i>	-	-

100 CN – coleção nuclear representada por 70% da diversidade genética do BAG

101
102
103
104
105
106

Portanto, a identificação de uma coleção nuclear em um banco de germoplasma é de extrema importância, pois reúne a maior variabilidade genética no menor número possível de genótipos. Dessa maneira, os genótipos descritos podem ser propagados e distribuídos para outras instituições com a certificação da manutenção da variabilidade genética existente para *A. pintoi* e *A. repens*, facilitando a gestão da utilização do germoplasma.



107

108

CONCLUSÕES

109

A coleção nuclear de amendoim forrageiro é composta por 15 acessos do BAG.

110

111

112

AGRADECIMENTOS

113

À Unipasto e FUNTAC (TO 008/12) pelo apoio financeiro e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa.

114

115

116

REFERÊNCIAS

117

AZEVEDO, J.M.A. et al. Genetic divergence among accessions of *Arachis repens* based on vegetative morphological traits. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 40, n. 10, p. 2067-2073, 2011.

118

119

120

121

BROWN, A.H.D.; SPILLANE, C. Implement core collections – principles, procedures, progress, problems and promise. In: JOHNSON, R. C.; HODGKIN, T. **Core collections for today and tomorrow**. Roma: IPGRI, 1999.

122

123

124

125

126

GIMENES, M.A et al. Characterization and transferability of microsatellite markers of the cultivated peanut (*Arachis hypogaea*). **BMC Plant Biology**, London, v. 7, n. 9, 2007.

127

128

129

Disponível em: < <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1829157/>>. Acesso em: 7 jul. 2015.

130

131

132

133

MENEZES, A.P.M. et al. Genetic divergence between genotypes of forage peanut in relation to agronomic and chemical traits. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 41, n. 7, p. 1608-1617, 2012.

134

135

136

137

PALMIERI, D.A. et al. Isolation and characterization of microsatellite loci from the forage species *Arachis pintoi* (Genus *Arachis*). **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 2, p. 551-553, 2002.

138

139

140

141

PALMIERI, D.A. et al. Novel polymorphic microsatellite markers in section *Caulorrhizae* (*Arachis*, Fabaceae), **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 5, p. 77-79, 2005.

142

143

144

145

146