

C. Ciências Biológicas - 8. Genética - 5. Genética Vegetal

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE ESPÉCIES SILVESTRES DE MANIHOT

Thamyres Cardoso da Silveira ¹

Carlos Alberto da Silva Ledo ²

Valquiria Martins Pereira ³

Leônidas Francisco de Queiroz Tavares Filho ⁴

Ariana Silva Santos ¹

Gabriela Maria Carneiro de Oliveira Almeida ¹

1. Graduada em Ciências Biológicas, UFRB
2. Pesquisador da Embrapa/CNPMPF, orientador
3. Mestranda em Ciências Agrárias, UFRB
4. Doutorando em Ciências Agrárias, UFRB

INTRODUÇÃO:

No Brasil a variabilidade genética da mandioca é muito grande, principalmente por ser considerado centro de origem e domesticação da cultura. Visando reunir em um local, parte da variabilidade genética e com isso evitar a erosão genética de espécies, bancos de germoplasma foram criados e vêm sendo mantidos permitindo com isso a conservação e utilização eficiente desse material (FUKUDA, 1996). O germoplasma pode ser caracterizado por meio do emprego de caracteres fenotípicos (descritores morfológicos e agronômicos) e marcadores moleculares. A caracterização dos acessos é de grande importância para determinar a variabilidade genética, identificar os acessos duplicados e estabelecer coleções nucleares. Caracteres morfológicos permitem a distinção facilmente entre os acessos, podendo ser detectados visualmente. Geralmente possuem alta herdabilidade e são pouco influenciados pelo ambiente. O objetivo deste trabalho foi determinar a diversidade genética entre acessos da coleção de espécies silvestres de Manihot da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical.

METODOLOGIA:

Foram caracterizados 173 acessos da coleção de espécies silvestres de Manihot da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical. Utilizaram-se 32 descritores, dos quais 10 quantitativos e 22 qualitativos. As avaliações morfológicas seguiram metodologia proposta por Fukuda e Guevara (1998), com ajuste para algumas características específicas das espécies silvestres. Foi realizada análise de agrupamento considerando os descritores quantitativos e qualitativos simultaneamente segundo o algoritmo de Gower (Gower, 1971). Os agrupamentos hierárquicos a partir da matriz de distância genética foram obtidos pelo método UPGMA. A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (Sokal e Rohlf, 1962). A matriz de distância genética utilizando o algoritmo de Gower foi obtida pelo programa R (R Development Core Team, 2006). O dendrograma foi obtido pelo programa Mega 4.0 (Tamura et al., 2007).

RESULTADOS:

O dendrograma de dissimilaridade genética foi gerado baseado em 10 descritores quantitativos e 22 descritores qualitativos avaliados em 173 acessos da coleção de espécies silvestres de Manihot da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical. O coeficiente de correlação cofenético foi de 0,81**, indicando uma alta correlação entre as matrizes de distâncias originais e de agrupamento. A média da matriz de agrupamento, que definiu o número de grupos, foi de 0,42. O agrupamento dos acessos pelo método UPGMA possibilitou a formação de 9 grupos de dissimilaridade genética. O grupo com maior número de acessos apresentou 111 dos 173 acessos avaliados. Houve também a formação de um grupo com apenas um acesso (Manihot maracasensis) evidenciando assim,

presença de diversidade genética entre os acessos avaliados

CONCLUSÃO:

A utilização de descritores morfológicos na caracterização foi eficiente para à determinação da diversidade genética. Os 173 acessos ficaram divididos em 9 grupos distintos em função de sua dissimilaridade genética.

Instituição de Fomento: Embrapa, CNPq, Fapesb

Palavras-chave: Análise de agrupamento, caracterização, melhoramento.