

# DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MANDIOCA CONTRASTANTES PARA A TOLERÂNCIA À SECA

Lívia de Jesus Viera<sup>1</sup>; Alfredo Augusto Cunha Alves<sup>2</sup>; Pâmela Santana Daltro<sup>3</sup>; Vânia Jesus dos Santos<sup>1</sup>; Alberto Duarte Vilarinhos<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, CEP 44380-000 Cruz das Almas, BA. E-mail: liviabiol@gmail.com

<sup>2</sup> Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Rua da Embrapa, s/nº, Caixa Postal 007, CEP 44380-000 Cruz das Almas, BA. E-mail: aalves@cnpmf.embrapa.br

<sup>3</sup> Faculdade Maria Milza, Praça Manoel Caetano da Rocha Passos, n° 308, CEP 44380-000 Cruz das Almas, BA. E-mail: pamalpinista@hotmail.com

## INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), pertencente a família Euforbiaceae é uma importante cultura, principalmente em pequenas propriedades familiares do Brasil. As raízes são fontes de carboidratos na alimentação humana, sendo a parte aérea também usada na alimentação animal. A pesquisa com essa cultura tem potencial para afetar o bem estar de um considerável número de pessoas de baixa renda no país.

Comumente cultivada em áreas consideradas marginais para a maioria dos outros cultivos, a mandioca pode se desenvolver em ambientes com solos de baixa fertilidade, precipitação anual em torno de 800 mm e estação seca de 4 a 6 meses, características típicas das regiões semi-áridas do nordeste brasileiro. Nessa situação, a tolerância à seca é um importante atributo para a sobrevivência desta cultura que diferentemente da maioria das espécies, possui elevado potencial produtivo, que permite aproveitar melhor os eventuais períodos de chuvas abundantes.

Os marcadores do tipo microsatélites apresentam grande conteúdo informativo por apresentar natureza multialélica, herança codominante e ampla distribuição no genoma. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética entre variedades contrastantes para característica de tolerância à seca utilizando marcadores do tipo microsatélites.

## METODOLOGIA

Trinta e dois genótipos selecionados como contrastantes para a característica de tolerância à seca foram utilizados. O DNA foi extraído seguindo o protocolo de Ferreira & Grattapaglia (1995).

O programa de amplificação seguiu o utilizado por Akano (2000) e contou com as seguintes etapas: uma desnaturação inicial a 94°C por 5 minutos, 30 ciclos de desnaturação 94°C por 1 minuto, anelamento a 55°C por 2 minutos, um ciclo de extensão final de 5 minutos a 72°C e, finalmente, mantidas a 4°C até sua retirada do termociclador. Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida 5%, contendo uréia, água mili-Q, TBE 10 X, bis:acrilamida, TEMED e persulfato de amônio (Figura 1).

As imagens foram capturadas e armazenadas em sistema de fotodocumentação. Foi construída uma matriz binária onde foi adotado o número 1 para presença de banda e o número 0 para ausência de banda. A análise dos dados foi realizada no programa estatístico NTSYS. A distância genética foi estimada segundo Nei (1972) e o agrupamento seguiu a metodologia UPGMA. Foi calculado também a correlação entre a matriz de distância e o dendrograma para o teste de confiabilidade.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 19 primers avaliados, 13 foram utilizados por apresentarem padrões de bandas bem definidas. Um total de 86 bandas polimórficas foram observadas. Com a utilização do programa estatístico NTSYS foi possível a construção de um dendrograma (Figura 2) onde pode se observar o agrupamento dos 32 genótipos avaliados em 5 grupos distintos de acordo com a similaridade genética entre os genótipos.

A similaridade genética média entre todos os 32 acessos foi 0,47. A menor distância observada foi de 0,16 entre os acessos 'COL 2215' e 'TAI 8' enquanto que a maior distância foi igual a 0,89 entre os acesso 'CM 3306-9' e 'BRA 134'.

Com o resultado do teste de correlação de matriz pode-se concluir que o dendrograma apresentou confiabilidade significativa com  $r = 67\%$ .

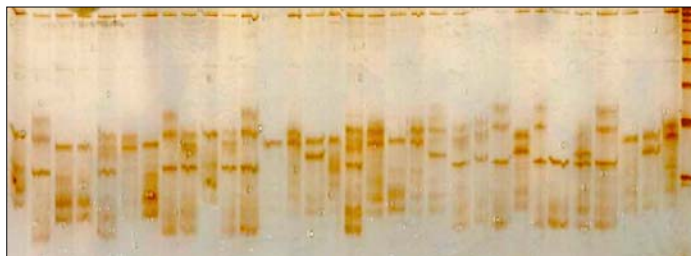


Figura 1. Eletroforese de 32 variedades de mandioca avaliadas com o primer SSRY21 e DNA marcador em gel de poliacrilamida, corado com nitrato de prata.

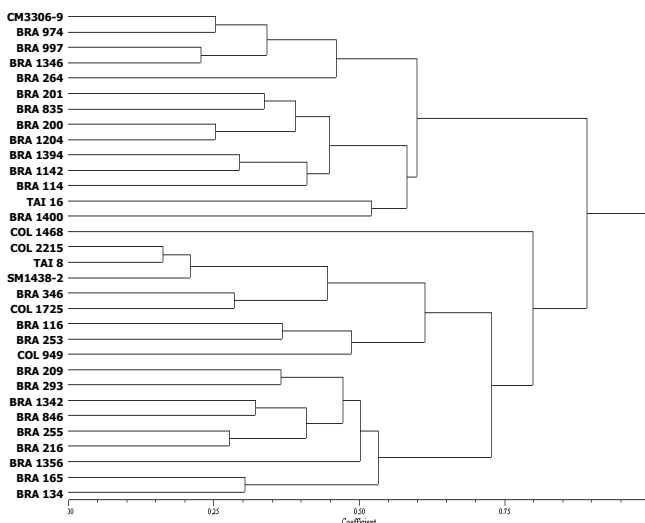


Figura 2. Dendrograma gerado com base na distância de Nei 72 considerando 32 genótipos de mandioca e 13 marcadores SSR.

## CONCLUSÃO

Pode-se concluir que marcadores do tipo SSR podem servir como uma eficiente ferramenta no estudo da diversidade genética entre genótipos de mandioca contrastantes para tolerância à seca.

Esses resultados poderão direcionar a seleção de genótipos nos programas de melhoramento de mandioca servindo de subsídio no conhecimento do grau de variabilidade genética disponível entre os acessos avaliados.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AKANO AO, DIXON AGO, C, BARRERA E, FREGENE M (2002). Genetic Mapping of a Dominance Gene conferring Resistance to the cassava mosaic disease (CMD). TAG 105(4): 521-525
- FERREIRA, M.E. & GRATTAPAGLIA D. (1998) Introdução ao Uso de Marcadores Moleculares em Análise Genética. 3ªed. Brasília. 220p.