

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MANDIOCA-DE-MESA MEDIANTE O EMPREGO DE MARCADORES MOLECULARES RAPD

**Gisele Cristina Zuin<sup>1</sup>; Pedro Soares Vidigal Filho<sup>2,3</sup>; Maria Celeste Gonçalves Vidigal<sup>2,3</sup>;  
Marcus Vinícius Kvitschal<sup>1</sup>; Elizer Rodrigues de Souto<sup>2</sup>; Adriana Gonela<sup>4</sup>**

<sup>1</sup> Aluno do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brasil. E-mail: [giselezuin@ibest.com.br](mailto:giselezuin@ibest.com.br); <sup>2</sup>Professor do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Av. Colombo, nº5790, CEP: 87020-570, Maringá, Paraná, Brasil. <sup>3</sup>Bolsista de Produtividade Científica do CNPq. E-mail: [psvfilho@uem.br](mailto:psvfilho@uem.br); <sup>4</sup>Bolsista Prodoc-Capes, E-mail: [Adriana\\_g35@yahoo.com](mailto:Adriana_g35@yahoo.com)

### INTRODUÇÃO

Um dos maiores problemas que a exploração da cultura de mandioca para o consumo “*in natura*” apresenta é o desconhecimento do potencial produtivo e das qualidades culinárias das cultivares que são plantadas pelos agricultores. Aliado a isso, a rápida expansão urbana que vem ocorrendo, principalmente em municípios da região Noroeste do Paraná, tem propiciado a eliminação de muitas áreas de cultivo de “fundo-de-quintal”, onde observa-se uma grande diversidade de cultivares de mandioca-de-mesa. Tal fato tem contribuído para perda de parte deste germoplasma, muitas das vezes, pouco conhecido. Assim sendo, este germoplasma necessita ser coletado, armazenado e caracterizado, de forma a que o mesmo possa servir como fonte de variabilidade em futuros programas de melhoramento genético da mandioca-de-mesa.

Por outro lado, para que esta variabilidade seja eficientemente utilizada em programas de melhoramento, é necessária uma caracterização prévia destes recursos genéticos disponíveis por meio marcadores moleculares, os quais vêm sendo cada vez mais utilizados, uma vez que estes não sofrem ação do ambiente na sua expressão.

O presente estudo teve como objetivo a coleta, a caracterização molecular e a avaliação da divergência genética de 43 acessos de mandioca-de-mesa, coletados na região urbana do município de Cianorte – PR, mediante a utilização de marcadores moleculares RAPD.

### MATERIAL E MÉTODOS

A coleta de germoplasma foi realizada em áreas de “fundo-de-quintal” de diversos bairros do município de Cianorte – PR, totalizando 43 acessos de mandioca-de-mesa (*Manihot esculenta* Crantz). As ramas foram devidamente identificadas, catalogadas e plantadas em área do Banco de Germoplasma de Mandioca (BGM) “*in vivo*”, do Departamento de Agronomia, da Universidade Estadual de Maringá.

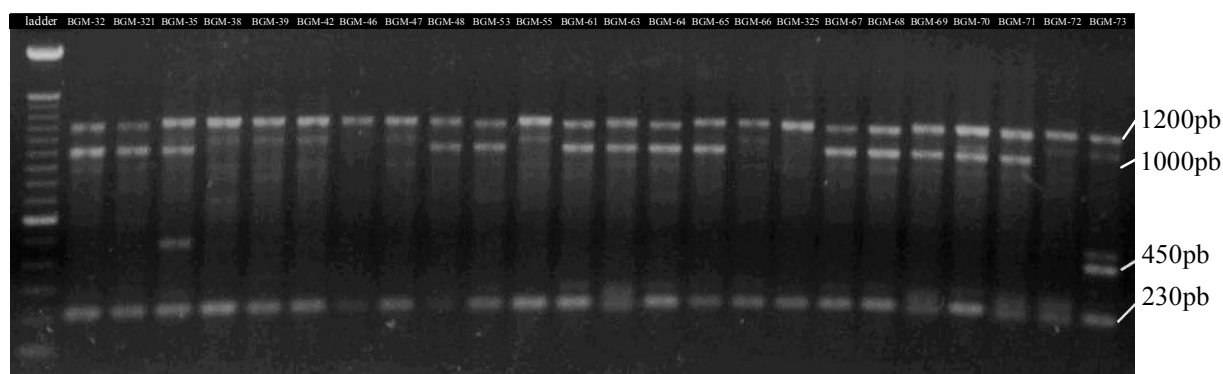
O DNA genômico foi extraído a partir das brotações novas, que foram coletadas aos 75 dias após a emergência das plântulas, conforme o protocolo descrito por Doyle e Doyle (1990),

com pequenas modificações. As reações de PCR foram efetuadas de acordo com o protocolo de Williams et al. (1990), utilizando-se de 15 *primers* decâmeros de RAPD (OPA-16, OPH-14, OPI-02, OPJ-06, OPJ-08, OPK-01, OPK-02, OPK-03, OPK-08, OPK-09, OPK-12, OPK-18, OPK-20, OPM-12 e OPO-19). Os produtos da amplificação foram separados em gel de agarose 1,2 %, e a seguir foram visualizados sob luz ultravioleta.

Por sua vez, o estudo da divergência genética foi efetuado através da análise da matriz de dados binários, estimando-se o complemento do coeficiente de similaridade de Jaccard. Os métodos de agrupamento utilizados foram o de Otimização de Tocher e UPGMA, tendo como auxílio os recursos computacionais do Programa Genes (Cruz, 2006).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 15 *primers* decâmeros utilizados para análise de DNA dos 43 acessos de mandioca-de-mesa proporcionaram a amplificação de 115 bandas, que variaram de 230 a 2.500 pb. Destes fragmentos, 90 foram polimórficos, correspondendo a 78,26 % de polimorfismo. Os *primers* OPA-16, OPJ-08, OPK-08 e OPO-19 proporcionaram a amplificação de um maior número de bandas (10 bandas/*primer*). Por sua vez, o *primer* OPK-02 embora tenha amplificado apenas cinco bandas, ele foi o único a expressar 100 % de polimorfismo. Na Figura 1 encontra-se apresentado o padrão de bandas referente ao *primer* OPK-09 para alguns dos acessos de mandioca-de-mesa avaliados neste estudo.



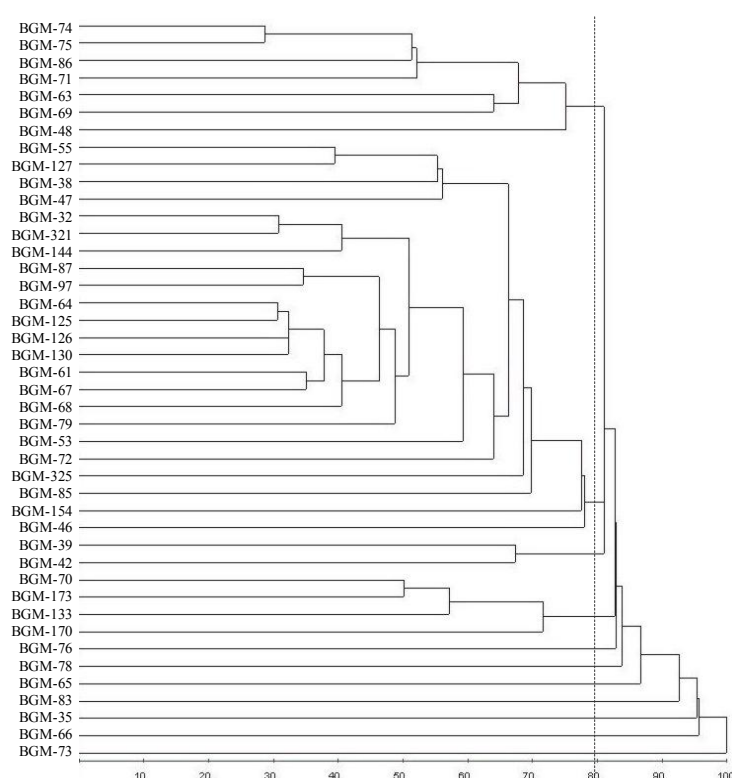
**Figura 1.** Foto de gel de eletroforese, visualizado sob luz ultravioleta, contendo os produtos de amplificação do *primer* de RAPD OPK-09, para alguns dos acessos de mandioca-de-mesa, coletados em Cianorte – PR

No que se refere ao método de Otimização de Tocher (Tabela 1), pode-se verificar a formação de 11 grupos distintos, sendo o grupo I o mais expressivo, tendo este incorporado um



De acordo com os resultados apresentados na Tabela 2, pode-se verificar que a divergência mais elevada foi apresentada pelos grupos IV e VII, IV e X, IV e XI, bem como pelos grupos X e XI. Dessa forma, a hibridação entre os acessos alocados nos respectivos grupos relacionados na Tabela 2 mostra uma tendência de expressar efeito heterótico superior.

Quanto ao método hierárquico do ‘Vizinho Mais Próximo’ (Figura 2), pode-se observar a formação de 11 grupos, de forma análoga ao método de Otimização de Tocher. Os acessos menos divergentes foram BGM-74 e BGM-75, enquanto que BGM-73 e BGM-74 foram os mais divergentes. O grupo II constituiu-se no grupo mais expressivo (53,48 %).



**Figura 2.** Dendrograma ilustrativo do agrupamento de 43 acessos de mandioca-de-mesa pelo método do “Vizinho Mais Próximo”.

## Referências

- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v.27, p.13-15, 1990.
- WILLIAMS, J.G.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, L.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v.18, p.6531-6535, 1990.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: biometria**. Editora UFV, Viçosa, 2006.
- GROXKO, M. Mandioca. In: **Prognóstico agropecuário**. Secretaria da Agricultura e do Abastecimento. Departamento de Economia Rural. <http://www.pr.gov.br/seab>. 13 Out 2006.