

DIVERSIDADE GENÉTICA VIA MARCADORES ISSR ENTRE ACESSOS DE PINHÃO-MANSO DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DA UFRRJ

Marina dos Santos Queiroga¹; Fernanda da Silva Ferreira Oliveira² & Pedro Corrêa Damasceno Junior³

1. Bolsista PROIC, Discente do Curso de Agronomia, IA/UFRRJ; 2. Técnica de Laboratório/Marcadores de DNA/DFITO/IA/UFRRJ; 3. Professor do DFITO/IA/UFRRJ.

Palavras-chave: *Jatropha curcas*, marcadores moleculares, melhoramento de plantas.

Introdução

Várias espécies vegetais podem ser exploradas para produção de biodiesel, principalmente, as que não competem na produção de alimentos, como por exemplo, o pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.). Esta espécie é diplóide com $2n=2x=22$ cromossomos, caducifolia, pertencente a família Euphorbiaceae, e originária da América Central. O pinhão-manso apresenta teor de óleo nas sementes superiores aos da soja, palma e linhaça, e alta qualidade físico-química de óleo para uso como biocombustíveis (AKBAR *et al.*, 2009).

O pinhão-manso se caracteriza por ser uma espécie não-domesticada, e no Brasil, materiais genéticos para plantios comerciais são praticamente inexistentes. Atualmente, o estudo dos germoplasmas de pinhão-manso objetivando conhecer e identificar a variabilidade genética entre plantas é prioridade no Brasil.

O objetivo do presente trabalho foi conhecer as relações genéticas, via marcadores ISSR, entre 40 acessos da coleção de germoplasma de pinhão-manso da UFRRJ com potencial para produção de grãos.

Metodologia

Foram genotipados 40 acessos pertencentes à Coleção de Germoplasma de Pinhão-manso do DFITO/IA/UFRRJ. Todas as análises laboratoriais foram conduzidas no Laboratório de Marcadores de DNA do Departamento de Fitotecnia pertencente ao Instituto de Agronomia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.

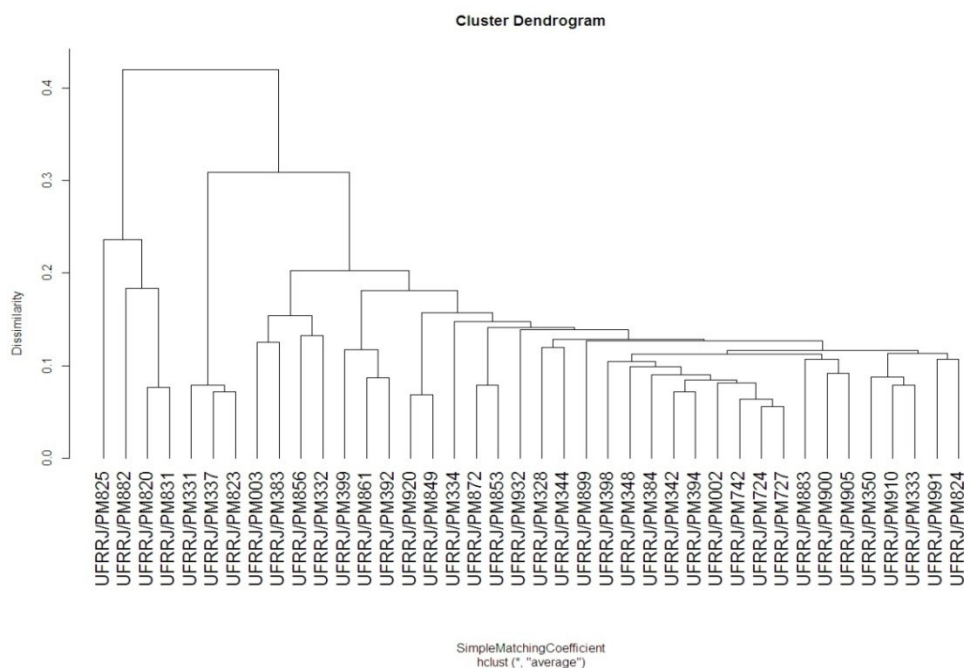
As genotipagens foram realizadas utilizando-se marcadores ISSR (Inter-simple Sequence Repeat). Para tal, inicialmente o DNA genômico foi extraído a partir de folhas jovens, através do método CTAB, com algumas poucas modificações. As análises ISSR foram conforme Gupta *et al.* (2008), com algumas modificações, e realizadas em termociclador Eppendorf Pro-S. Após triagem foram utilizados 11 *primers* ISSR com suficiente polimorfismo. Os produtos amplificados (bandas) foram analisados por eletroforese em gel de agarose a 1,2% e visualizados após coloração com Gel Red em fotodocumentador MiniBis Pro.

Analisou-se os dados como presença (1) e ausência (0) em função das bandas detectadas no gel. A partir da obtenção completa dos dados binários, uma matriz fenética ou de similaridade genética foi estimada utilizando-se o coeficiente *Simple Matching* com base na planilha binária. De posse da matriz fenética, estimou-se a matriz cofenética por meio do algoritmo UPGMA (“Unweighted Pair Groups Method with Arithmetic Mean”) para geração do dendrograma. Todas as análises foram realizadas no Programa R.

Resultados e Discussão

Com base nos resultados obtidos é possível observar na Figura 1 a formação de dois grupos de genótipos, porém, um deles abrigou 90% das plantas analisadas. Os genótipos UFRRJ/PM825, 882, 820 e 831 agruparam-se no menor grupo, abrigando no caso, as 10% restantes. A distância entre os dois grupos foi estimada em pouco mais de 0,4. O grande grupo se subdividiu em dois outros grupos, um contendo 8,33% das plantas, e outro com a maior parte delas (91,67%). Estes dois grupos estão distanciados a cerca de 0,3, e o maior, concentra 33 plantas das 40 analisadas, e estas encontram-se a uma distância máxima de 0,2,

refletindo, portanto, uma reduzida variabilidade genotípica dentre os genótipos analisados. Estimativas muito semelhantes foram encontradas por Chen et al. (2011), cuja distância de pouco mais de 0,7 separou 79,17% das plantas analisadas em um grupo, e 20,83% em outro, sendo que a maior parte das plantas estudadas atingiram distâncias inferiores a 0,2. Vale ressaltar que a literatura, de forma geral, relata baixo polimorfismo ao nível de DNA nos germoplasmas da espécie (Chen et al., 2011; Rosado et al., 2010), porém, quando fenotipagens são realizadas, alguns autores relatam a existência de considerável variabilidade genética na espécie, como por exemplo, Reis et al. (2015).



Conclusão

Ao nível molecular a Coleção de Germoplasma de pinhão-mansão da UFRRJ, analisada via marcadores do tipo ISSR, dispõe de base genética estreita. De posse desta conclusão, recomenda-se a inserção de novos genótipos na referida coleção. Também se faz necessário efetuar testes com outros *primers* ISSR ou, se for o caso, utilizar outros marcadores de DNA que possam evidenciar maior polimorfismo, como por exemplo, os SNP's.

Referências Bibliográficas

- Akbar, E.; Yaakob, Z; Kamarudin, S. K.; Ismail, M.; Salimon, J. Characteristic and Composition of *Jatropha Curcas* Oil Seed from Malaysia and its Potential as Biodiesel Feedstock. **European Journal of Scientific Research**. Vol. 29, n.3, pp.396-403, 2009.
- Chen, K.; Ren, P.; Ying, C.; Jiang, Q.; Jia, X. Genetic relationships among *Jatropha curcas* L. clones from Panzhihua, China as revealed by RAPD and ISSR. *African Journal of Agricultural Research*, v. 6, n.11, pp. 2582-2585, 2011.
- Gupta, S.; Srivastava, M.; Mishra, G. P.; Naik, P. K.; Chauhan, R. S.; Tiwari, S. K.; Kumar, M.; Singh, R. Analogy of ISSR and RAPD markers for comparative analysis of genetic diversity among different *Jatropha curcas* genotypes. *African Journal of Biotechnology*, v. 7, n. 23, pp. 4230-4243, 2008.
- Reis, M. V. M.; Damasceno Junior, P. C.; Campos, T. de O.; Diegues, I. P.; Freitas, S. C. de. Variabilidade genética e associação entre caracteres em germoplasma de pinhão-mansão (*Jatropha curcas*, L.). **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 412-420, abr-jun, 2015.
- Rosado TB, Laviola BG, Faria DA et al. Molecular markers reveal limited genetic diversity in a large germplasm collection of the biofuel crop *Jatropha curcas* L. in Brazil. **Crop Sci**50:2372–2382. 2010.