

C. Ciências Biológicas - 8. Genética - 4. Genética Molecular

Análise de dissimilaridade genética entre quinze cultivares de *Ricinus communis* L. através de marcadores RAPD

Edna Lôbo Machado UFRB

Simone Alves Silva UFRB

Cláudia Fortes Ferreira EMBRAPA

Maria Selma Alves Silva Diamantino UFRB

Leila Andrade Bastos UFRB

Keylla Souza dos Santos UFRB

1. Doutoranda em Ciências Agrária - UFRB
2. Orientadora- Profa Dra.- UFRB
3. Co-Orientadora - Dra. - EMBRAPA
4. Doutoranda em Ciências Agrária - UFRB
5. Estudante do curso de Bacharelado em Ciências Biológicas - UFRB
6. Estudante do curso de Bacharelado em Ciências Biológicas - UFRB

INTRODUÇÃO:

A mamona, pertencente à família das euforbiáceas, possui elevado valor socioeconômico sendo o óleo o seu principal produto o qual, tem sido empregado na indústria de lubrificantes, revestimentos protetores, vernizes, tintas látex, ceras, fármacos e materiais plásticos, além de apresentar perspectivas de uso como fonte energética sob a forma de biodiesel. Na atualidade, há necessidade de obtenção de alternativa de energia menos poluente e esta oleaginosa vem recebendo incentivos do governo federal. No entanto, informações acerca da variabilidade genética da mamoneira, em nível de DNA ainda são escassas. A análise da variabilidade genética na mamoneira pode ser realizada através de polimorfismo de DNA, com o emprego de marcadores RAPD. Os marcadores moleculares representam ferramentas importantes em diversos estudos, permitindo avaliar, em curto prazo, um número elevado de genótipos, um alto grau de polimorfismo, além de não sofrerem influência ambiental, pleiotrópica ou epistática como ocorre com marcadores morfológicos. Sendo assim, a avaliação da dissimilaridade genética entre 15 cultivares da mamoneira através de marcadores RAPD, visando à seleção de genitores para futuros cruzamentos dentro do programa de melhoramento desta cultura no recôncavo baiano, faz-se necessária.

METODOLOGIA:

A extração do DNA foi realizada através do método CTAB, com utilização de folhas jovens de quinze cultivares (10 plantas por cultivar). As cultivares utilizadas foram EBDA MPA11, 17, 18, 26, 31, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42 e 43. Após, o DNA foi quantificado e sua concentração ajustada para 5ng/μl. Os marcadores RAPD foram aplicados para cada cultivar, por meio de um DNA pool. Cada reação de amplificação teve um volume final de 25μL (tampão 1X, dNTP's Mix 100μM, de cada, 2,5mM de MgCl₂, 0,4μM de primer aleatórios, 1U de Taq, 25ng de DNA). As amplificações constaram de dois ciclos iniciais de 94°C por 1 min, 35°C por 30 segs. e 72°C por 1 min., seguida de 40 ciclos de 15 seg. a 94°C, 30 segs. a 35°C e 1 min. a 72°C com uma extensão final de 7 min. a 72°C. Os fragmentos foram revelados em gel de agarose 1,5% corado com brometo de étideo. A dissimilaridade entre as cultivares foi estimada pelo coeficiente de jaccard. A partir de uma matriz foi gerado o cluster pelo método UPGMA.

RESULTADOS:

Na análise da dissimilaridade genética entre as cultivares de *Ricinus communis* L., testou-se um total de 82 primer aleatórios. Desses, 24 não amplificaram (OPJ02, OPJ03, OPJ06, OPJ07, OPJ08, OPJ17, OPB05, OPM8, OPQ09, OPM15, OPM17, OPQ19, OPI20, OPM10, OPQ01, OPM19, OPQ07, OPA06, OPP12, OPP16, OPP11, OPP14, OPI04,

OPQ11) e 58 amplificaram sendo classificados 9 como primers monomórficos (OPAA3, OPD02, OPF2, OPH19, OPQ2, OPQ13, OPA12, OPQ20, OPJ15) e 49 como polimórficos (OPJ18, OPD05, OPJ11, OPJ19, OPF06, OPJ10, OPJ20, OPB10, OPA3, OPA04, OPA01, OPA2, OPE01, OPJ13, OPB1, OPB4, OPJ04, OPB07, OPJ05, OPD03, OPJ16, OPD08, OPI02, OPE03, OPM03, OPF01, OPI15, OPE14, OPM13, OPF03, OPQ18, OPF13, OPQ17, OPM05, OPM16, OPN05, OPI10, OPN07, OPM02, OPN08, OPM1, OPQ01, OPQ10, OPJ01, OPI16, OPM14, OPM04, OPQ04, OPQ14). Foram geradas 603 marcas, sendo 287 monomórficas e 316 polimórficas. Através da análise do dendograma observou-se a formação de dois grandes grupos. O primeiro formado pelas cultivares EBDA MPA11, 17, 18, 26, 31,34, 35, 36, 37 e 38, e o segundo pelas cultivares EBDA MPA 39, 40, 41, 42 e 43. A maior similaridade genética foi entre as cultivares EBDA MPA18 e 26 e a maior dissimilaridade foi obtida entre as cultivares EBDA MPA 31 e 42.

CONCLUSÃO:

As cultivares EBDA MPA 31 e 42 são potenciais, como fonte de variabilidade, visando o melhoramento genético, pois se trata de indivíduos com características gênicas distintas. Os marcadores RAPD mostraram-se eficientes para detectar polimorfismo nas cultivares de mamoneira analisadas e podem ser utilizados como poderosa ferramenta na obtenção de informações uteis para a seleção de genitores promissores para realização de cruzamento no programa de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L, Marcadores Moleculares, Melhoramento genético.