

ANÁLISE ISOENZIMÁTICA DE DOIS HÍBRIDOS PUTATIVOS NATURAIS DE ESPÉCIES SILVESTRES DO GÊNERO *MANIHOT* (EUPHORBIACEAE)¹

CLAUDIO BRONDANI²

RESUMO - Dois híbridos putativos naturais e seus prováveis parentais foram analisados via marcadores isoenzimáticos. Para *Manihot nana* e *M. nogueirae*, foram empregados os sistemas SKD, G6PDH, NADHDH, GOT, ACP, SOD, LAP, AK e NADPHDH. Para *M. hilariana* e *M. salicifolia*, foram utilizados IDH, MDH, PGI, PGD e MR. A análise baseou-se na presença ou ausência de bandas, utilizando-se o índice de similaridade genética de Jaccard. Os resultados indicaram não se tratar de um híbrido entre *M. nana* e *M. nogueirae*, e que, provavelmente, para o caso de *M. hilariana* e *M. salicifolia*, há ocorrência do híbrido. Eventos como este podem proporcionar novas combinações de alelos e ser precursor do processo de fixação de espécies do gênero *Manihot*.

Termos para indexação: variabilidade genética, isoenzimas, cruzamentos naturais.

ISOZYMIC ANALYSIS OF TWO NATURAL PUTATIVE HYBRIDS IN TWO WILD SPECIES OF *MANIHOT* GENERA (EUPHORBIACEAE)

ABSTRACT - Two natural putative hybrids were analysed by isozymes. *Manihot nana* and *M. nogueirae* were tested with the SKD, G6PDH, NADHDH, GOT, ACP, SOD, LAP, AK and NADPHDH systems. *M. hilariana* and *M. salicifolia*, with the IDH, MDH, PGI, PGD, and MR systems. The analysis were made with the Jaccard's similarity index, and the results indicated that there is no hybrid between *M. nana* and *M. nogueirae*, but probably there is a hybrid between *M. hilariana* and *M. salicifolia*. Processes like this could give new allelic combinations, initiating one of the speciation processes in the *Manihot* genera.

Index terms: genetic variability, isozymes, natural crosses.

INTRODUÇÃO

O gênero *Manihot* possui cerca de 98 espécies, sendo 80 nativas do Brasil. A origem do gênero é considerada recente, não havendo ainda rígida fixação de espécies. Isto tem possibilitado cruzamentos interespecíficos por melhoristas, que têm sido observados também na natureza. Acredita-se que a capacidade de ocupação de novos habitats esteja relacionada com a hibridização intensiva das plantas.

Segundo Thompson & Lumaret (1992), o aumento da heterozigose e a possível formação de novas combinações gênicas parecem ser o elemento-chave de sucesso dos novos citotipos poliplóides, com conseqüente aumento de sua capacidade de responder, individualmente, a diferentes condições ambientais. A combinação de genomas diferentes pode originar raças ecológicas, precursoras do processo de fixação de espécies (Allen & Goedert, 1991). Tais recursos genéticos podem efetivamente contribuir com novas combinações gênicas e alélicas, que podem ser identificadas e transferidas para a espécie cultivada no Brasil do gênero *Manihot*, a mandioca (*M. esculenta* Crantz). O propósito deste trabalho foi utilizar dados isoenzimáticos para confirmar a ocorrência de duas hibridizações naturais entre espécies silvestres do gênero *Manihot*.

¹ Aceito para publicação em 19 de março de 1996.

² Eng. Agr., M.Sc., EMBRAPA - Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN), Caixa Postal 02372, CEP 70849-970 Brasília, DF.

MATERIAL E MÉTODOS

Três plantas de *M. nana*, quatro de *M. nogueirae* e o híbrido putativo foram coletados a 30 km de Brasília, DF, no vale do Rio São Bartolomeu (15°57'S, 47°38'W). *M.*

hilariana, *M. salicifolia* e o híbrido (três plantas de cada uma) foram coletados a 4 km da cidade de Corumbá de Goiás, GO (15°55'S, 48°48'W). As Figs. 1 e 2 mostram exemplares das espécies coletadas. Além dessas espécies, também foi analisada uma planta de *M. hassleriana* e outra de



A



B

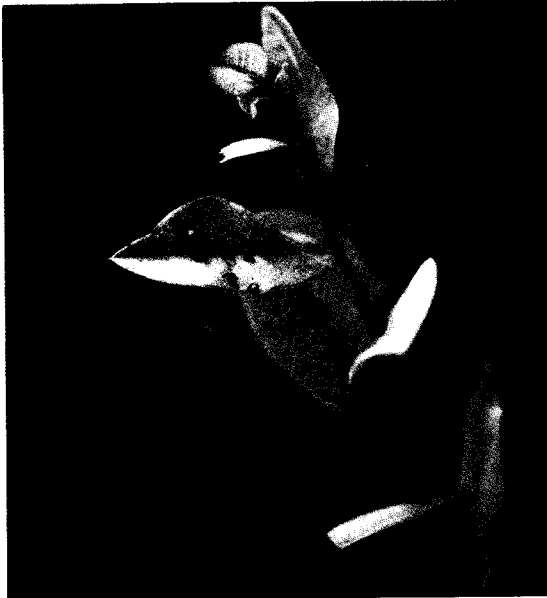


C

FIG. 1. *Manihot nana* (a), *M. nogueirae* (b) e híbrido putativo (c) destas espécies.

M. esculenta, como testemunhas. Os sistemas de colorações isoenzimáticas foram efetuados de acordo com os métodos descritos em Cheliak & Pitel (1984) e Santos (1991), e consistiram de: SKD, G6PDH, NADHDH, GOT, ACP, SOD, LAP, AK e NADPHDH para *M. nana* x *M.*

nogueirae, e IDH, MDH, PGI, PGD e MR para *M. hilariana* e *M. salicifolia*. A análise, baseada na presença ou ausência de bandas, consistiu em utilização do índice de similaridade genética de Jaccard para obtenção da matriz de similaridade, construção do fenograma pelo método de



A



B



C

FIG. 2. *Manihot salicifolia* (a), *M. hilariana* (b) e híbrido putativo (c) destas espécies.

UPGMA, e análise de coordenadas principais, sendo todos os procedimentos conduzidos pelo programa NTSYS-PC (Rohlf, 1988).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os padrões isoenzimáticos para a maioria dos sistemas testados foram de múltiplas bandas, devido ao estado poliplóide das espécies analisadas. A Tabela 1 mostra o índice de similaridade genética de

TABELA 1. Valores do Índice de Similaridade de Jaccard para comparação entre e dentro das espécies testadas.

Comparação	Índice de similaridade	
	Média	Faixa
1) <i>M. nana</i> x <i>M. nogueirae</i>		
Dentro		
<i>M. nana</i>	0,804	0,762 - 0,889
<i>M. nogueirae</i>	0,715	0,600 - 0,850
Híbrido	-	-
<i>M. hassleriana</i>	-	-
<i>M. esculenta</i>	-	-
Entre		
<i>M. nana</i> x		
<i>M. nogueirae</i>	0,654	0,545 - 0,714
Híbrido	0,542	0,522 - 0,583
<i>M. hassleriana</i>	0,296	0,259 - 0,321
<i>M. esculenta</i>	0,233	0,200 - 0,258
<i>M. Nogueirae</i> x		
Híbrido	0,730	0,667 - 0,778
<i>M. hassleriana</i>	0,261	0,241 - 0,292
<i>M. esculenta</i>	0,231	0,179 - 0,276
Híbrido x		
<i>M. hassleriana</i>	0,296	-
<i>M. esculenta</i>	0,276	-
<i>M. hassleriana</i> x		
<i>M. esculenta</i>	0,333	-
2) <i>M. hilariana</i> x <i>M. salicifolia</i>		
Dentro		
<i>M. hilariana</i>	0,770	0,667 - 0,889
<i>M. salicifolia</i>	0,900	0,852 - 0,962
Híbrido	0,882	0,828 - 0,962
<i>M. esculenta</i>	-	-
Entre		
<i>M. hilariana</i> x		
<i>M. salicifolia</i>	0,535	0,429 - 0,581
Híbrido	0,695	0,529 - 0,821
<i>M. esculenta</i>	0,560	0,474 - 0,571
<i>M. salicifolia</i> x		
Híbrido	0,721	0,677 - 0,815
<i>M. esculenta</i>	0,603	0,543 - 0,618
Híbrido x		
<i>M. esculenta</i>	0,647	0,618 - 0,676

Jaccard (IS), entre e dentro das espécies testadas. O IS dentro de *M. nana* difere significativamente a 1% do IS entre *M. nana* e o híbrido putativo *M. nogueirae* x *M. nana* (0,804 e 0,542, respectivamente). Por outro lado, o IS dentro de *M. nogueirae* não difere significativamente a 1% do IS entre *M. nogueirae* e o híbrido putativo (0,715 e 0,730, respectivamente). Portanto, de acordo com os padrões isoenzimáticos, o híbrido putativo possui um perfil similar ao de *M. nogueirae*. Isto pode ser visualizado nas Figs. 3 e 4, que indicam a localização do híbrido próximo ao grupo de *M. nogueirae*. Os três vetores da Análise de Coordenadas Principais (Fig. 3) explicaram 67,29% da variância, demonstrando que há confiabilidade na distribuição das espécies no plano do gráfico.

De acordo com a Tabela 1, o IS dentro de *M. hilariana* não difere significativamente a 1% do IS entre *M. hilariana* e o híbrido putativo *M. hilariana* x *M. salicifolia* (0,770 e 0,695, respectivamente). Isto também é verdade na comparação do IS de *M. salicifolia* com o IS entre *M. salicifolia* e o híbrido putativo (0,900 e 0,720, respectivamente). Tais comparações mostram que o híbrido putativo possui similaridade genética com os dois parentais, indicando uma possível natureza híbrida dessa planta. Isto pode ser visualizado na Fig. 5, que

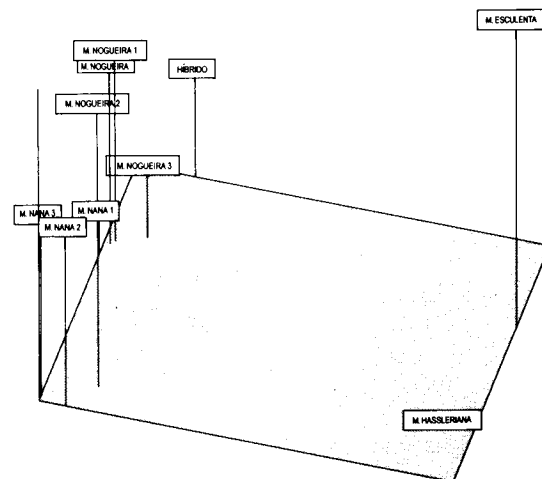


FIG. 3. Projeções da Análise de Coordenadas Principais entre *M. nana*, *M. nogueirae* e híbrido putativo.

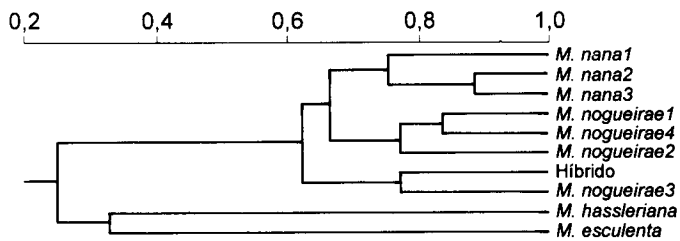


FIG. 4. Fenograma (UPGMA) com *M. nana*, *M. nogueirae* e híbrido putativo baseado na matriz dos padrões de bandas presentes/ausentes utilizando o índice de similaridade de Jaccard.

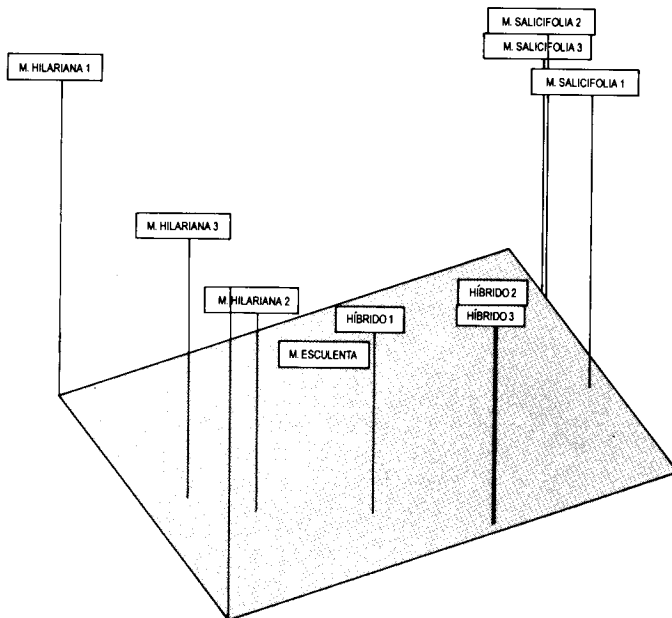


FIG. 5. Projeções da Análise de Coordenadas Principais de *M. hilariana*, *M. salicifolia* e híbrido putativo.

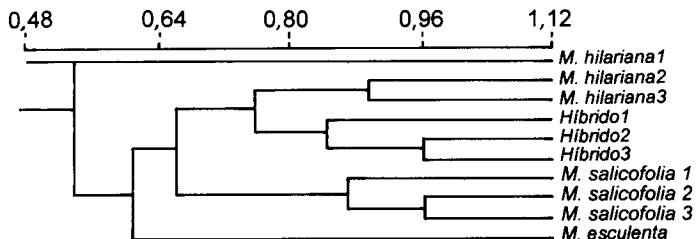


FIG. 6. Fenograma (UPGMA) com *M. salicifolia*, *M. hilariana* e híbrido putativo baseado na matriz dos padrões de bandas presentes/ausentes utilizando o índice de similaridade de Jaccard.

mostra a Análise de Coordenadas Principais, na qual os híbridos putativos aparecem em uma posição intermediária entre os dois parentais (os três vetores explicaram 75,20% da variância). O fenograma da Fig. 6 corrobora esta análise.

CONCLUSÕES

1. O híbrido putativo entre *M. nana* e *M. nogueirae* é um indivíduo desta última espécie.
2. O híbrido putativo entre *M. hilariana* e *M. salicifolia* é um híbrido natural.

REFERÊNCIAS

- ALLEN, A.C.; GOEDERT, C.O. Formação de base genética e manejo dos recursos genéticos de mandioca: o caso do Brasil. In: HERSHEY, C.H. (Ed.). *Mejoramiento genético de la yuca en America Latina*. Cali: CIAT, 1991. p.125-161.
- CHELIAK, W.M.; PITEL, J.A. *Techniques for starch gel electrophoresis of enzymes from forest tree species*. Chalk River: PNFI, 1984. 49p.
- ROHLF, F.J. *NTSYS-PC, numerical taxonomy and multivariate analysis system*. New York: Exeter, 1988. 320p.
- SANTOS, M.M. *Polimorfismo isoenzimático de população subspontânea de dendê (Elaeis guineensis Jacq.) do estado da Bahia e sua relação genética com seis procedências africanas*. Ribeirão Preto: USP, 1991. 105p. Tese de Doutorado.
- THOMPSON, J.D.; LUMARET, R. The evolutionary dynamics of polyploid plants: origins, establishment and persistence. *Tree*, v.7, n.9, p.302-307, 1992.