



DIVERSIDADE DE GENÓTIPOS DE PINHÃO-MANSO UTILIZANDO RAPD

Cássia de Souza Simões¹, Geisenilma Maria Gonçalves da Rocha, Eveline de Sousa Araújo, Amanda Micheline Amador de Lucena, Antonio Lopes de Arroxelas Galvão Filho, Fábila Suelly Lima Pinto, Nair Helena Castro Arriel

1. Graduanda do curso de Licenciatura Plena em Ciências Biológicas na Universidade Estadual da Paraíba -
kassyadesouza@gmail.com

RESUMO - O *Jatropha curcas*, conhecido mundialmente como pinhão-mansó, é uma planta de cultivo perene pertencente à família Euphorbiaceae. Trata-se de uma oleaginosa, com potencial para a obtenção do biodiesel, uma alternativa em substituição ao petróleo, por causa do seu preço e redução de emissão do CO₂, diminuindo o efeito estufa. Estudos sobre o pinhão-mansó apontam que um dos grandes problemas do cultivo está na colheita, pois existe uma desuniformidade no desenvolvimento dos frutos dessa espécie, o que pode inviabilizar economicamente a exploração de seu cultivo. Todavia, estudos da caracterização molecular são de fundamental importância para identificar genótipos que tenham uniformidade na maturação dos frutos. Objetivou-se, com esse trabalho, avaliar a diversidade genética utilizando o marcador molecular do tipo *Random Amplification of Polymorphic* em DNA (RAPD) em diferentes genótipos do pinhão-mansó para posterior associação com as características de uniformidade na maturação dos frutos. Foram coletadas amostras foliares de 12 genótipos do banco de germoplasma da Embrapa Algodão. Procedeu-se a extração de DNA genômico de acordo com o protocolo CTAB, com modificações. A relação genética entre os genótipos de pinhão-mansó foi avaliada por meio de PCR, utilizando-se o iniciador de sequência (5' TTCCGAACCC 3'). As análises de diversidade foram feitas com base nas estimativas de distância genética de complemento aritmético do coeficiente de Jaccard, e para representação dos grupos de genótipos utilizaram-se o agrupamento de UPGMA a partir de 35 bandas polimórficas e o método aglomerativo de otimização de Tocher. O tamanho dos fragmentos variou de aproximadamente 1500 pb a 3000 pb. Ao se adotar um percentual de corte de 20%, ocorreu a formação de três grupos divergentes. A caracterização por meio dos marcadores RAPD apresentou baixa divergência entre os genótipos de pinhão-mansó avaliados, porém, foi possível identificar genótipos bastante similares e divergentes. A maior divergência foi observada entre os genótipos CNPAPM II P₂ e CNPAPM III P₃, em relação aos demais. Estudos da diversidade genética com um maior número de genótipos de pinhão-mansó se fazem necessários para gerar mais informações que possam auxiliar o programa de melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: *Jatropha curcas*, variabilidade genética, marcador molecular.

Apoio: CNPq, BRJatropha-Embrapa.