

Diversidade genética entre genótipos de macaúba com base em marcadores moleculares

Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br), Adriano dos Santos (Embrapa Agroenergia, adriano.agro84@yahoo.com.br), Adriana de Souza Carneiro (UnB, adriancarneiro95@hotmail.com), Alex Gabriel Cajado Ferreira (UnB, gabriel.cajado.f@gmail.com), Ana Clara Oliveira Comby (UnB, anacomby.acc@gmail.com), Eloisa Silva Gomes (UnB, geloisagomes@gmail.com), Leonardo de Sousa Rocha (UnB, leonardos322@gmail.com), Rosana Falcão (Embrapa Agroenergia, rosana.falcao@embrapa.br), Marina Guimarães Brasileiro (UnB, marina.gbrasileiro@hotmail.com), Tayne Valadares da Silva (UnB, taynevaladaress@gmail.com), Laíse Teixeira da Costa (Embrapa Agroenergia, laise.costa@embrapa.br), Erina Vitório Rodrigues (Universidade de Brasília, erinavict@hotmail.com)

Palavras Chave: *Acrocomia aculeata*, SNP, distância euclidiana.

1 - Introdução

A macaúba (*Acrocomia aculeata*) é uma espécie promissora para produção de biodiesel e possui várias aplicações, principalmente no aproveitamento de seus frutos (MOTOIKE et al., 2013). É uma oleaginosa com alto potencial de rendimento de frutos e óleo, com qualidade de óleo favorável à produção de bicompostíveis, seja biodiesel (NAVARRO-DIAZ et al., 2014) ou bioquerosene (LAVIOLA e ALVES, 2011; CREMONEZ et al., 2015), apresentando potencial de rendimento entre 3.000 a 6.000 kg ha⁻¹ de óleo (MOTOIKE et al., 2013; NAVARRO-DIAZ et al., 2014). Entretanto, apesar do grande potencial, a macaúba está em fase de domesticação, e grande parte das pesquisas concentra-se no melhoramento genético da espécie (DOMICIANO et al., 2015).

Dessa forma o passo inicial para o melhoramento genético é verificar se há variabilidade genética entre os genótipos do banco de germoplasma, pois são de grande importância para auxiliar na escolha de estratégias eficientes de melhoramento. A caracterização agrônômica dos genótipos é essencial para descrição fenotípica. No entanto, essa abordagem pode agrupar os genótipos erroneamente em virtude das influências ambientais que os mesmos sofrem durante o seu desenvolvimento.

A estimativa de diversidade genética por ser realizada por meio de vários métodos, seja com base no fenótipo ou no genótipo. O uso de marcadores moleculares possibilita maior precisão de estimativas, considerando que é possível eliminar o efeito ambiental. Dentre os marcadores moleculares, os SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) são marcadores que permitem identificar a variação de um único nucleotídeo (YA et al., 2018).

Diante do exposto o objetivo deste trabalho é estimar a diversidade genética em genótipos de macaúba por meio de marcadores SNPs.

2 - Material e Métodos

Foram amostrados 200 indivíduos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAGMC) instalado na área experimental da Embrapa Cerrados,

localizada em Planaltina-DF. O BAGMC é constituído de 1.200 plantas, oriundas de diversas regiões do território brasileiro abrangendo cinco estados, Minas Gerais, São Paulo, Pará, Goiás e Distrito Federal.

Inicialmente foi realizada a qualidade dos marcadores com *missing* < 5% e MAF > 5%, resultando em 2.336 SNP. Posteriormente foi realizada a análise de divergência genética, empregando-se as técnicas multivariadas. Na aplicação da técnica de agrupamento dos genótipos pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA) utilizando a distância euclidiana média como medida de dissimilaridade. Também, realizou-se análise de componentes principais com posterior dispersão gráfica dos genótipos. Para determinação do número ótimo de grupos foi utilizado o pacote *NbCluster*, implementado no *software R* (R Core Team, 2018).

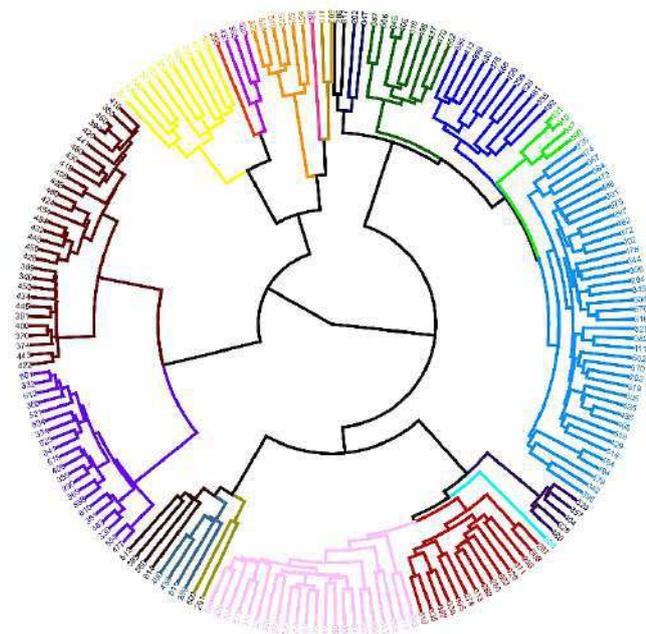
3 - Resultados e Discussão

Observaram-se a formação 21 grupos distintos (Figura 1). Nota-se divergência genética existente entre os genótipos, podendo ser evidenciado pelo padrão de distribuição dos mesmos nos grupos formados. O coeficiente de correlação cofenética obtido foi de 0,992, que representa ótimo ajuste entre a matriz cofenética e a matriz de dissimilaridade construída com base na distância euclidiana média. Tal coeficiente, indica boa confiabilidade dos agrupamentos estabelecidos. Possibilitando maior acurácia na escolha dos genótipos na constituição de populações de melhoramento.

Esta separação em grupos distintos possui extrema importância para o melhoramento genético da macaúba, pois a partir destes grupos pode ser obtida a heterose para os caracteres quantitativos de interesse econômico quando se cruzar progênies pertencentes a grupos mais distantes geneticamente. Por outro lado, dependendo da estratégia e objetivo do programa de melhoramento, pode-se identificar o cruzamento entre indivíduos mais próximos, considerado cruzamento convergente, para facilitar o trabalho dos melhoristas na seleção de genótipos superiores em menor tempo. Todavia, ambos genitores devem apresentar

características de interesse como alto potencial produtivo e baixa estatura de planta.

Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade



genética entre os 200 genótipos de macaúba, obtido pelo método UPGMA, utilizando a distância de euclidiana média como medida de dissimilaridade. Correlação cofenética (0,992).

Pode-se observar que os dois primeiros componentes principais explicaram 81,2% de toda variação, possibilitando o estudo da dissimilaridade genética no espaço bidimensional com ótima precisão (Figura 2). Nota-se a formação de 13 grupos distintos. Na literatura, observa-se que a maioria dos grupos formados por genótipos de macaúba são em função a sua origem geográfica. Esse resultado é observado tanto para dados fenotípicos com genotípicos.

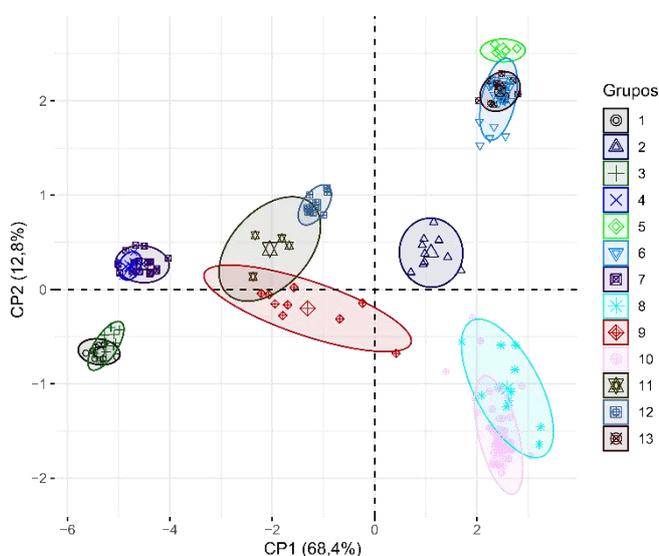


Figura 2. Dispersão gráfica dos 200 genótipos de macaúba obtida por meio dos componentes principais.

Deve-se citar, que mesmo os métodos sendo distintos (componentes principais e método hierárquico aglomerativo UPGMA considerando a distância euclidiana média) os grupos formados em ambos os métodos aglomeraram quantidades similares de indivíduos, ratificando a alta variabilidade presente na população e possibilitando a seleção mais fidedigna de genótipos divergentes para constituir blocos de cruzamentos.

4 – Conclusões

Existe variabilidade genética entre os genótipos de macaúba avaliados com grande potencial para serem utilizados em futuros blocos de cruzamentos do programa de melhoramento.

5 – Agradecimentos

Embrapa Agroenergia, Embrapa Cerrados, CNPq, Finep e Universidade de Brasília.

6 - Bibliografia

- CREMONEZ, P.A., FEROLDI, M., NADALETI, W.C., DE ROSSI, E., FEIDEN, A., DE CAMARGO, M.P., CREMONEZ, F.E. AND KLAJN, F.F. Biodiesel production in Brazil: current scenario and perspectives. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, **2015**, 42, 415-428.
- DOMICIANO, G.P., ALVES, A.A., LAVIOLA, B.G. AND CONCEIÇÃO, L.D.H.C.S. Genetic parameters and diversity in progenies from Macaw Palm based on morphological and physiological traits. *Ciência Rural*, **2015**, 45, 9, 1599-1605.
- LAVIOLA, B. G. & ALVES, A. A. Matérias-primas oleaginosas para biorrefinarias. In: VAZ J., S. (Ed.). *Biorrefinarias: cenários e perspectivas*. Brasília: Embrapa Agroenergia, **2011**, 29-43.
- MOTOIKE, S.Y., CARVALHO, M., PIMENTEL, L.D., KUKI, K.N., PAES, J.M.V., DIAS, H.C.T. AND SATO, A.Y. A cultura da macaúba: implantação e manejo de cultivos racionais. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. **2013**
- NAVARRO-DIAZ, H.J., GONZALEZ, S.L., IRIGARAY, B., VIEITEZ, I., JACHMANIAN, I., HENSE, H. AND OLIVEIRA, J.V., Macauba oil as an alternative feedstock for biodiesel: characterization and ester conversion by the supercritical method. *The Journal of Supercritical Fluids*, **2014**, 93, 130-137.
- R CORE TEAM. R: The R Project for Statistical Computing. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>.
- YA, N.; RAVEENDAR, S.; BAYARSUKH, N.; YA, M.; LEE, J. R.; LEE, K. J.; SHIN, M. J.; CHO, G. C.; MA, K. H.; LEE, G. A. Genetic Diversity and Population Structure of Mongolian Wheat Based on SSR Markers: Implications for Conservation and Management. *Plant Breeding and Biotechnology* **2018**, 5, 213–20.