

ANÁLISE DE MISTURA GENÉTICA EM CAMPOS DE MULTIPLICAÇÃO DE SEMENTES DE SOJA COM BASE EM MARCADORES MOLECULARES

Fábio G. Faleiro; Plínio I. M. Souza; Solange R. M. Andrade; Graciele Bellon; Sérgio Abud, Claudete T. Moreira; Ferdinando Barbosa; João B. Santos

¹Embrapa Cerrados, CP 08223, 73310-970 Planaltina-DF; ² e-mail: ffaleiro@cpac.embrapa.br

INTRODUÇÃO

O programa de melhoramento da soja para o Cerrado realizado na Embrapa, conta com a participação da Embrapa Cerrados, Embrapa Soja, Centro Tecnológico para Pesquisas Agropecuárias (CTPA) e Agência Rural. Os materiais desenvolvidos pela pesquisa são testados em aproximadamente 45 pontos nos Estados de Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Maranhão, Bahia, São Paulo, Rondônia, Roraima, além do Distrito Federal (Figura 1). Muitos pontos de teste são utilizados na rede de multiplicação de sementes que conta com aproximadamente 40 produtores.

Marcadores moleculares são ferramentas auxiliares com aplicações em diferentes etapas de programas de melhoramento genético. Uma das aplicações, utilizada neste trabalho, é a identificação de mistura genética em campos de multiplicação de sementes. Tal mistura foi verificada no campo de multiplicação da variedade de soja Flora, onde foram observadas plantas mais tardias, com características fenotípicas idênticas à variedade Pétala.

OBJETIVO

Analisar uma possível mistura genética em campos de multiplicação de sementes da variedade Flora pela variedade Pétala, utilizando marcadores RAPD.

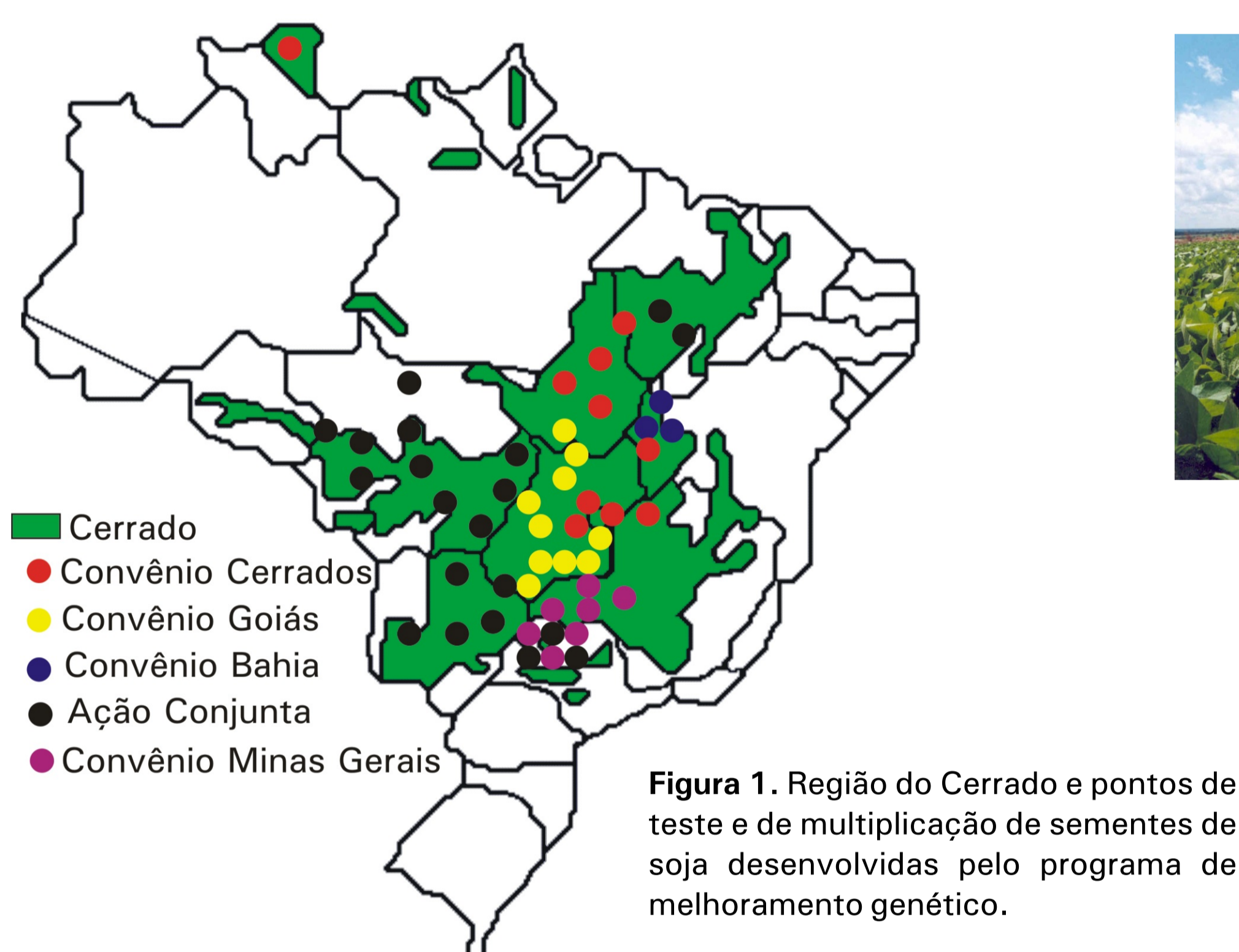


Figura 1. Região do Cerrado e pontos de teste e de multiplicação de sementes de soja desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético.



Figura 2. Campos de multiplicação de sementes da variedade Pétala (A), Flora (B e C) e metodologia de análise de DNA utilizada no trabalho (D e E).

RESULTADOS

Os 11 primers utilizados nas amplificações geraram um total de 158 marcadores RAPD, dos quais 66 (41,8%) foram polimórficos. A média de marcadores RAPD por primer foi de 14,4 (Tabela 1). A Figura 3 ilustra alguns produtos de amplificação analisados no presente trabalho.

A distância genética entre a variedade Flora e as plantas tardias foi de 0,269, sendo o coeficiente de similaridade de 0,731 (Tabelas 2 e 3). Tais valores confirmam a mistura genética no campo de multiplicação de sementes da variedade Flora.

A distância genética entre a variedade Pétala e as plantas tardias foi de apenas 0,043, sendo o coeficiente de similaridade de 0,957. A distância da entre as variedades Flora e Pétala foi de 0,221 (Tabelas 2 e 3).

Os valores de distância, juntamente com as análises de agrupamento evidenciaram a alta similaridade genética entre a variedade Pétala e as plantas tardias da mistura genética e a distância destas com relação à variedade Flora (Figura 4).

Tabela 1. Primers utilizados para obtenção dos marcadores RAPD e respectivos número de bandas polimórficas e monomórficas.

Primer	Seqüência 5'→3'	Nº de bandas polimórficas	Nº de bandas monomórficas
OPD-04	TCTGGTGAGG	3	5
OPD-07	TTGGCACGGG	6	3
OPD-08	GTGTGCCCCA	7	10
OPD-16	AGGGCGTAAG	6	5
OPE-18	GGACTGCAGA	10	6
OPE-20	AACGGTGACC	6	10
OPF-01	ACGGATCCTG	7	9
OPF-14	TGCTGCAGGT	7	10
OPG-08	TCACGTCCAC	2	11
OPG-17	ACGACCGACA	10	8
OPH-12	ACGCGCATGT	2	15
TOTAL		66	92

Tabela 2. Matriz de distâncias genéticas entre três materiais genéticos de soja, calculados com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei e Li, baseado em 158 marcadores RAPD.

Acessos	1	2	3
1 Flora	0,000		
2 Mistura (Pétala?)	0,269	0,000	
3 Pétala	0,221	0,043	0,000

Tabela 3. Matriz de coeficientes de similaridade entre três materiais genéticos de soja, calculados com base no coeficiente de similaridade de Nei e Li, baseado em 158 marcadores RAPD.

Acessos	1	2	3
1 Flora	1,000		
2 Mistura (Pétala?)	0,731	1,000	
3 Pétala	0,779	0,957	1,000

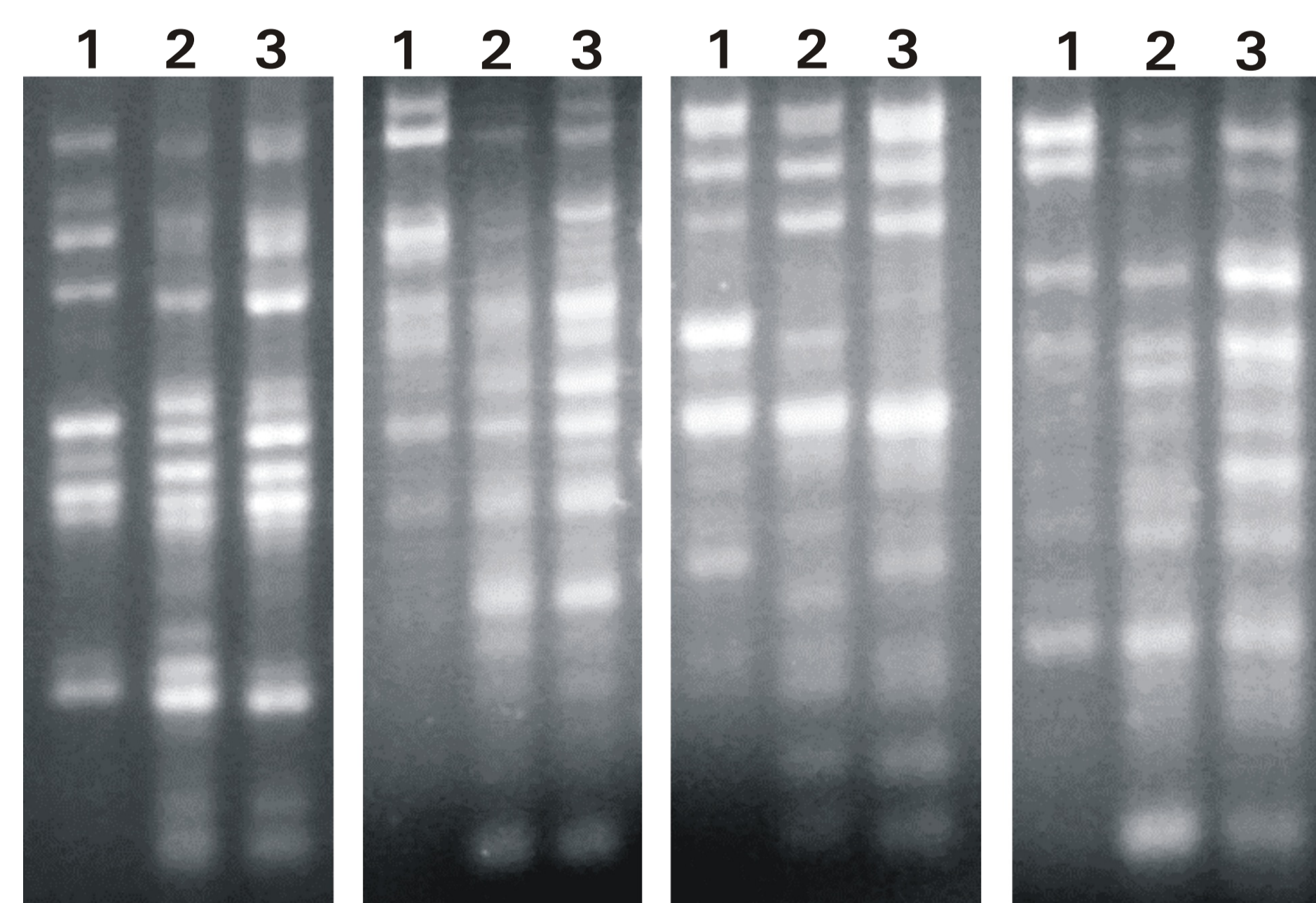


Figura 3. Produtos de amplificação de DNA genômico das variedades Flora (1), Mistura Pétala? (2) e Pétala (3) utilizando-se os primers decâmeros OPG17, OPE-20, OPF-14, OPE-18.

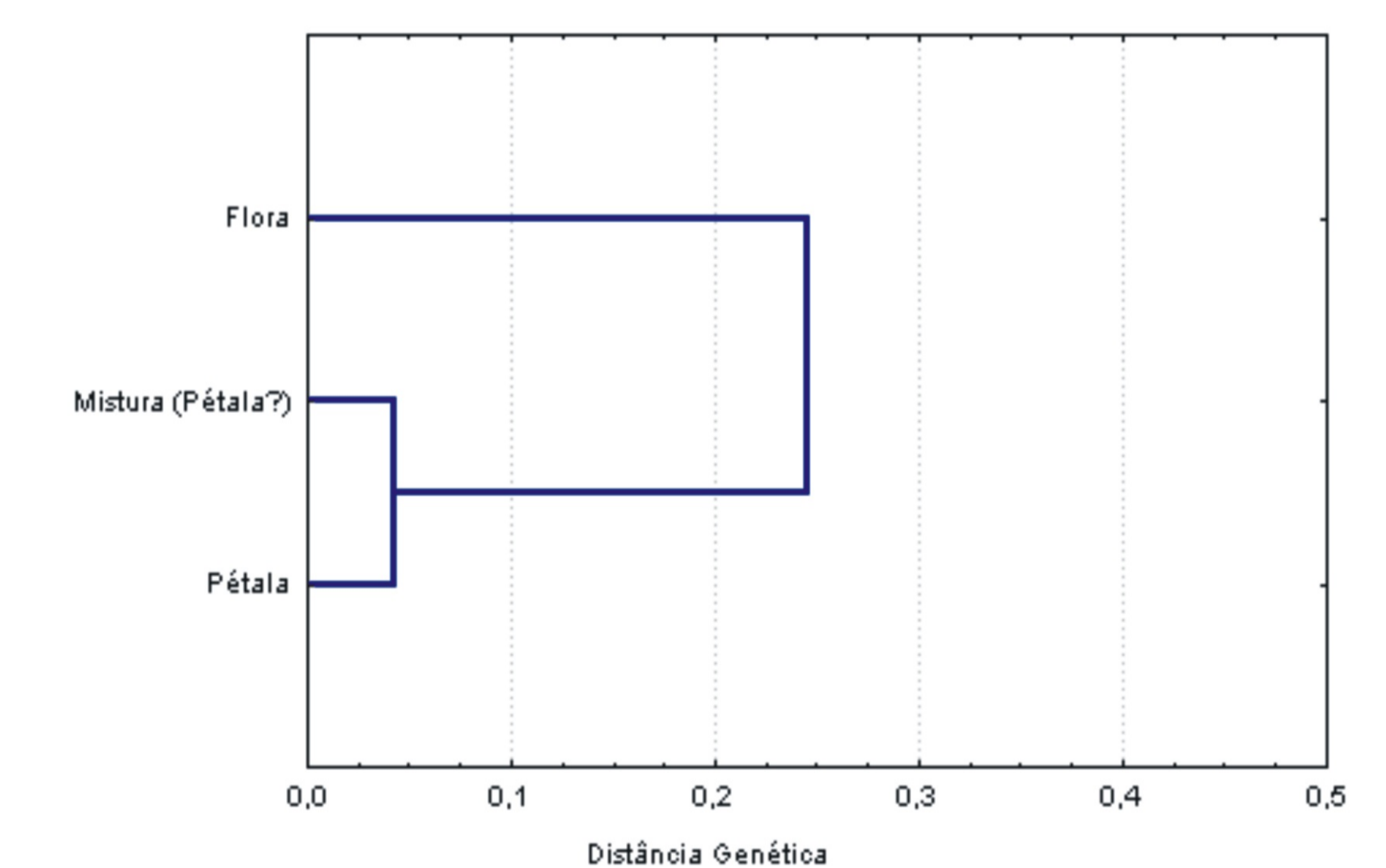


Figura 4. Análise de agrupamento de três materiais genéticos de soja com base na matriz de distâncias genéticas calculadas usando 158 marcadores RAPD. O método do UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento.

CONCLUSÕES

Os marcadores moleculares confirmaram a mistura genética no campo de multiplicação de sementes da variedade Flora e mostraram que tal mistura correspondia à variedade Pétala ou um material F₇, F₈, etc., extremamente próximo geneticamente da mesma.

LITERATURA CITADA

- CRUZ, C.D. Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Editora UFV, 1997. 648p.
 FALEIRO, F.G.; PINTO, A.C.O.; CORDEIRO, M.C.R.; RAMOS, V.H.V.; BELLON, G. ANDRADE, S.R.M.; PINTO, J.F.N. Genetic variability of mango (*Mangifera indica* L.) varieties used in Embrapa Cerrados breeding program using RAPD markers. *Acta Horticulturae*, The Hague-Holanda. 2004. (in press).
 STATSOFT Inc. Statistica for Windows [Computer program manual]. Tulsa, OK. StatSoft Inc. 2300 East 14th Street, Tulsa. 1999.