

Diversidade genética de pimenteiras com base em marcadores isoenzimáticos

Maílson Monteiro do Rêgo¹; Clint Wayne Araújo da Silva²; Elizanilda Ramalho do Rêgo¹

¹Docente. Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Campus II, Centro de Ciências Agrárias (CCA), CEP. 58.397.000, Areia, PB. mailson@cca.ufpb.br; elizanilda@cca.ufpb.br; ²Discente. Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Campus II, Centro de Ciências Agrárias (CCA). CEP. 58.397.000, Areia, PB. clint_wayne@live.com.

Palavras chave: dissimilaridade genética, isoenzimas, *Capsicum* spp.

Introdução

Dentro de um programa de melhoramento uma das decisões primordiais e de maior importância é a escolha dos genitores. Para tal, se fazem necessários estudos de caracterização e de diversidade genética de acessos pertencentes a um banco de germoplasma. Análises de diversidade genética são de grande importância por serem capazes de orientar quanto a maior variabilidade genética potencial que pode ser explorada a partir dos genitores, de diferentes acessos, por recombinação gênica, ou ainda sugerir as combinações mais promissoras na obtenção de híbridos a partir de linhagens avançadas desses acessos. Devido à importância econômica das espécies do gênero *Capsicum*, seja ela para fins alimentício, farmacêutico, cosmético ou ornamental (Signorini et al., 2013), o objetivo do presente trabalho foi analisar a diversidade genética entre acessos de pimenteiras com base em marcadores isoenzimáticos.

Material e Métodos

Foram utilizados 24 acessos de oito espécies de *Capsicum*, dos quais nove são oriundos da região amazônica. A caracterização isoenzimática dos acessos foi realizada a partir de tecidos de folhas de 10 plântulas diferentes, para cada acesso, com 60 dias após a semeadura em bandejas de isopor com substrato comercial em condições de casa de vegetação. A partir de folhas jovens foram analisados seis sistemas isoenzimáticos: Glutamato oxaloacetato desidrogenase (Got), Fosfoglucomutase (Pgm), Fosfogluco isomerase (Pgi), Xiquimato desidrogenase (Skdh), Isocitrato desidrogenase (Idh) e Malato desidrogenase (Mdh). A extração das enzimas, corrida eletroforética, e obtenção das bandas nos géis para os sistemas enzimáticos em estudo foram realizados como descrito por Meira-Neto et al. (2003). A partir dos géis, foi montado uma matriz binária de dados, presença da banda nos géis (1) e ausência (0). Utilizou-se o coeficiente de similaridade de Jaccard para obtenção da matriz de dissimilaridade genética e o agrupamento dos acessos foi feito pelo método de UPGMA. Os dados foram analisados pelo software DARwin 6.0.10.

Resultados e Discussão

A partir dos seis zimogramas (Fig. 1) foi possível estabelecer uma matriz de dados binários, a partir da qual estimou-se as distâncias genéticas entre pares de acessos, que variou de zero a 0,73 (maior distância), mostrando a diversidade entre os mesmos (Tabela 1).

Tabela 1. Matriz de dissimilaridade genética estimada pelo Coeficiente de Jaccard de 22 acessos de *Capsicum* de oito espécies diferentes.

Acessos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24		
1	0,00																									
2	0,62	0,00																								
3	0,00	0,62	0,00																							
4	0,11	0,69	0,11	0,00																						
5	0,42	0,54	0,42	0,50	0,00																					
6	0,46	0,46	0,46	0,54	0,09	0,00																				
7	0,64	0,10	0,64	0,71	0,57	0,50	0,00																			
8	0,42	0,42	0,42	0,50	0,33	0,38	0,46	0,00																		
9	0,27	0,54	0,27	0,36	0,57	0,50	0,57	0,33	0,00																	
10	0,57	0,18	0,57	0,64	0,50	0,43	0,09	0,50	0,60	0,00																
11	0,54	0,27	0,54	0,62	0,46	0,38	0,18	0,33	0,46	0,25	0,00															
12	0,30	0,69	0,30	0,22	0,62	0,64	0,71	0,36	0,20	0,73	0,62	0,00														
13	0,46	0,33	0,46	0,54	0,38	0,31	0,25	0,38	0,50	0,17	0,09	0,64	0,00													
14	0,54	0,54	0,54	0,62	0,18	0,25	0,57	0,18	0,46	0,60	0,46	0,50	0,50	0,00												
15	0,20	0,62	0,20	0,30	0,54	0,57	0,64	0,27	0,10	0,67	0,54	0,11	0,57	0,42	0,00											
16	0,54	0,27	0,54	0,62	0,46	0,38	0,18	0,33	0,46	0,25	0,00	0,62	0,09	0,46	0,54	0,00										
17	0,11	0,69	0,11	0,00	0,50	0,54	0,71	0,50	0,36	0,64	0,62	0,22	0,54	0,62	0,30	0,62	0,00									
18	0,50	0,36	0,50	0,58	0,54	0,46	0,27	0,42	0,42	0,33	0,10	0,58	0,18	0,54	0,50	0,10	0,58	0,00								
19	0,20	0,50	0,20	0,30	0,27	0,33	0,54	0,27	0,42	0,46	0,42	0,45	0,33	0,42	0,36	0,42	0,30	0,36	0,00							
20	0,27	0,64	0,27	0,36	0,18	0,25	0,67	0,46	0,46	0,60	0,57	0,50	0,50	0,33	0,42	0,57	0,36	0,64	0,42	0,00						
21	0,20	0,50	0,20	0,30	0,27	0,33	0,54	0,27	0,42	0,46	0,42	0,45	0,33	0,42	0,36	0,42	0,30	0,36	0,00	0,42	0,00					
22	0,62	0,20	0,62	0,69	0,64	0,57	0,27	0,42	0,42	0,33	0,42	0,58	0,46	0,54	0,50	0,42	0,69	0,36	0,50	0,73	0,50	0,00				
23	0,20	0,62	0,20	0,11	0,42	0,46	0,64	0,42	0,42	0,57	0,54	0,30	0,46	0,54	0,36	0,54	0,11	0,62	0,36	0,27	0,36	0,71	0,00			
24	0,00	0,62	0,00	0,11	0,42	0,46	0,64	0,42	0,27	0,57	0,54	0,30	0,46	0,54	0,20	0,54	0,11	0,50	0,20	0,27	0,20	0,62	0,20	0,00		

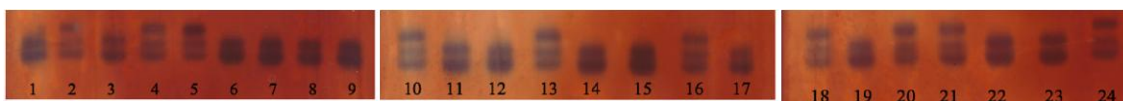


Figura 1. Zimograma de fosfoglucomutase (PGM) dos 24 acessos das oito espécies do gênero *Capsicum*.

A partir da matriz de dissimilaridade entre os acessos procedeu-se o agrupamento dos acessos usando o modelo de agrupamento hierárquico UPGMA (Figura 2). Observa-se que não foi possível agrupar as diferentes espécies em um único cluster, o que é corroborado por outros autores. Na realidade o gênero *Capsicum*, de modo geral, está organizado em três complexos, o complexo *C. annuum*, *C. baccatum* e o *C. pubescens*.

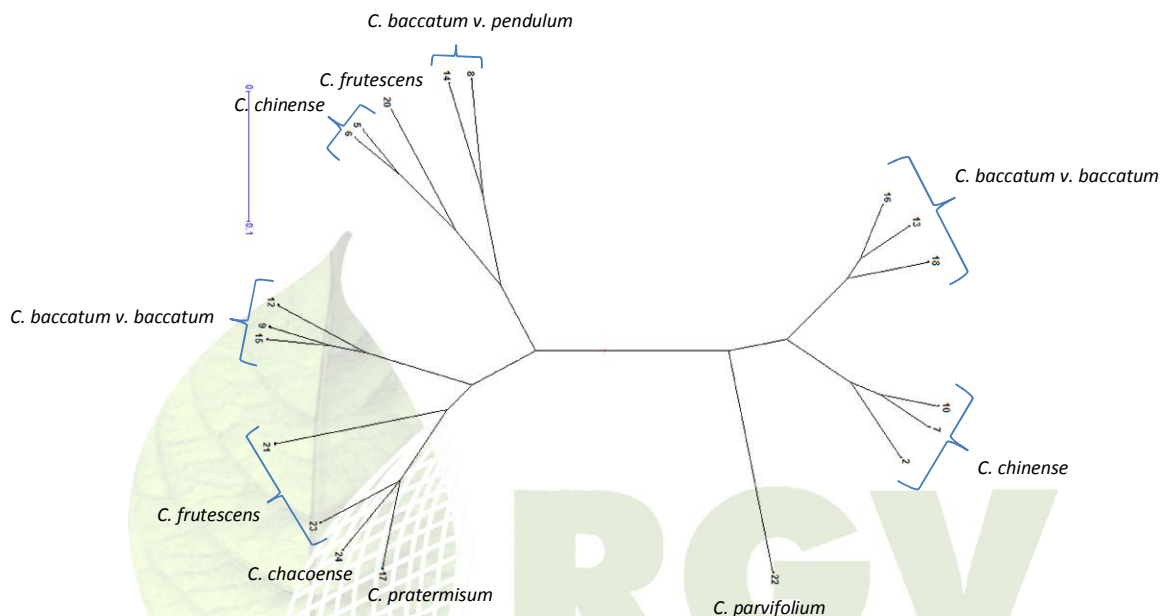


Figura 2. Árvore de agrupamento dos acessos com base na matriz de dissimilaridade genética estimada por UPGMA

Conclusão

Os marcadores isoenzimáticos foram eficientes na análise da diversidade genética dos 24 acessos de oito espécies do gênero *Capsicum*.

Referências

SIGNORINI, T.; RENESTO, E.; MACHADO, M. F. P. S.; BESPALHOK D. N.; MONTEIRO, E. R. 2013. Diversidade genética de espécies de *Capsicum* com base em dados de isozimas. **Horticultura Brasileira** 31: 534-539.

MEIRA NETO, J. A. A.; RÊGO, M. M.; COELHO, D. J. S.; RIBEIRO, F. G. Origem, sucessão e estrutura de uma floresta de galeria periodicamente alagada em Viçosa-MG. **Revista Árvore**, Viçosa-MG, v.27, n.4, p.561-574, 2003.

DARwin – Dissimilarity and Analysis Representation for windows. Version 6.0.10. <http://Darwin.cirad.fr>