



Revista Brasileira de Ciências Agrárias

ISSN: 1981-1160

editorgeral@agraria.pro.br

Universidade Federal Rural de Pernambuco

Brasil

da Silva, Ana Veruska C.; dos Santos, Allívia R. F.; Wickert, Ester; da Silva Júnior, Josué F.; Costar,
Tatiana S.

Divergência genética entre acessos de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes)

Revista Brasileira de Ciências Agrárias, vol. 6, núm. 4, octubre-diciembre, 2011, pp. 572-578

Universidade Federal Rural de Pernambuco

Pernambuco, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=119021237004>

- ▶ Como citar este artigo
- ▶ Número completo
- ▶ Mais artigos
- ▶ Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe , Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

AGRÁRIA

Revista Brasileira de Ciências Agrárias

ISSN (on line): 1981-0997

v.6, n.4, p.572-578, out-dez., 2011

Recife, PE, UFRPE, www.agraria.ufpe.br

DOI:10.5039/agraria.v6i4a943

Protocolo 943 - 16/05/2010 *Aprovado em 02/06/2011

Ana Veruska C. da Silva²Allívia R. F. dos Santos¹Ester Wickert³Josué F. da Silva Júnior²Tatiana S. Costa⁴

Divergência genética entre acessos de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes)

RESUMO

A mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma espécie nativa do Brasil que apresenta importância econômica, social e cultural nas principais áreas onde ocorre. A preocupação com a devastação das áreas naturais da espécie resultou no estabelecimento de um Banco Ativo de Germoplasma, em Sergipe, o principal estado produtor. O objetivo do presente trabalho foi caracterizar a diversidade genética existente nesse BAG, utilizando marcadores RAPD. A utilização de 12 iniciadores de síntese permitiu a obtenção de 106 bandas, sendo 92 delas polimórficas (86,79%). Foram detectados diferentes coeficientes de similaridade, e a média entre eles foi de 0,40 (\pm 0,04), sendo que a amplitude genética variou entre 0,08 (\pm 0,04) e 0,60 (\pm 0,05). Os indivíduos M1 (Pará) e M14 (Bahia) foram os mais diferentes na população, e os pares de indivíduos M9 e M10 (Bahia) foram os mais semelhantes. Três pares de indivíduos foram identificados como mais divergentes (M2, M4 e M14) e indicados para futuros estudos.

Palavras-chave: Banco de germoplasma, diversidade, RAPD.

Genetic diversity between *Hancornia speciosa* Gomes varieties

ABSTRACT

Hancornia speciosa Gomes is a native plant of Brazil of great economical, social and cultural importance in their areas of occurrence. The concern with the devastation of the specie natural areas resulted in the establishment of an Active Germplasm Bank in Sergipe, the main producing state. The objective of this work was to characterize the genetic diversity of this Germplasm Bank using RAPD analysis. The use of 12 RAPD primers allowed the production of 106 bands, in which 92 were polymorphic (86.79%). Different similarity coefficients were detected, with means of 0.40 (\pm 0.04) between them. The genetic amplitude varied between 0.08 (\pm 0.04) and 0.60 (\pm 0.05). The M1 (Pará) and M14 (Bahia) individuals were the most different ones within the population, and the individuals pairs M9 and M10 (Bahia) were the most similar ones. Three individuals pairs were identified as the most genetically divergent ones (M2, M4 and M14) and are indicated for future studies.

Key words: Germplasm bank, diversity, RAPD.

¹ Universidade de Santiago de Compostela, EPS – Departamento de Producción Vegetal, USC c/ Benigno Ledo, s/n, 27002,Lugo, Espanha. Fone: (34) 982223996 Ramal 23110. E-mail: alliviarouse@hotmail.com

² Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar, 3250, 13 de julho, CEP 49025-040, Aracaju-SE, Brasil. Fone: (79) 4009-1365. Fax: (79) 4009-1369. E-mail: anaveruska@cpatc.embrapa.br; josue@cpatc.embrapa.br

³ Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina, Rodovia Antonio Heil, km 6, Itajaí, CEP 88301-970, Itajaí-SC, Brasil. Caixa Postal 277. Fone: (47) 3341-5244. Fax: (47) 3341-5255. E-mail: ewickert@terra.com.br

⁴ Universidade Federal de Lavras, Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal, Caixa Postal 3037, CEP 37200-000, Lavras-MG, Brasil. Fone: (35) 3829-1172. E-mail: tatiana_itase@hotmail.com

INTRODUÇÃO

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma frutífera da família *Apocynaceae* de grande importância social, econômica e cultural em Sergipe e em toda a região de restinga e baixada litorânea (Lederman et al., 2000; Vieira Neto, 2002; Silva Junior, 2004).

A mangaba apresenta características organolépticas bastante apreciadas, sendo consumida tanto *in natura* quanto na forma de produtos industrializados (Aguiar Filho et al., 1998). Por apresentar sabor e aroma característicos, a polpa é consumida diretamente ao natural ou é utilizada como matéria prima para o preparo de geléias, doces, xaropes, compotas, vinhos, vinagres e principalmente suco e sorvete, indicando assim um enorme potencial para o incremento da agroindústria brasileira (Mattietto et al., 2003). Apesar de sua importância, até o momento, não existem variedades e seu cultivo é quase que totalmente extrativista.

A mangabeira é uma planta cujas sementes são recalcitrantes, o que dificulta sua propagação, além de ser alógama e autoincompatível, o que torna as plantas derivadas de sementes altamente divergentes entre si e em relação à planta-mãe (Vieira Neto, 2002; Darrault & Schlindwein, 2006). Devido à grande redução na área original dos ecossistemas em que a mangaba ocorre, principalmente pelo desmatamento, especulação imobiliária e plantios como cana-de-açúcar, coqueiro e pastagens, a espécie é uma das fruteiras nativas mais ameaçadas de extinção no Nordeste. Situação semelhante ocorre na região do Cerrado, que tem sido bastante devastada em função da expansão da fronteira agrícola para o cultivo intensivo de grãos e pastos (Lederman et al., 2000; Moura et al., 2003).

Desta forma, há a necessidade de adequá-la aos diferentes sistemas de produção, sendo necessários esforços dos programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de genótipos superiores. Para alcançar esse objetivo, é imprescindível a existência de variabilidade genética no germoplasma disponível para o melhoramento. A partir dessa variabilidade é possível programar a seleção para as mais variadas características, buscando o desenvolvimento de linhagens para a formação de híbridos ou a obtenção de variedades.

No Brasil, até o ano de 2006, somente existiam duas coleções de germoplasma: uma pertencente à Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária (IPA), iniciada em 1970 e com 125 acessos (Bezerra et al., 1993); e a segunda, à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba - EMEPA-PB, implantada em 1991 e atualmente com 220 acessos (Aguiar Filho et al., 1998; Souza et al., 2007). Em 2006, no estado do Sergipe, foi instalado pela Embrapa Tabuleiros Costeiros o Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de mangabeira, e desde então são realizadas expedições de coleta em diversas regiões de ocorrência. Trabalhos estão sendo realizados para aumentar o número de acessos.

A manutenção em Bancos de germoplasma é importante para a caracterização, preservação, seleção e uso em programas de melhoramento. Além disso, no caso da mangabeira, o BAG é uma tentativa de manter a diversidade

genética da espécie preservada, uma vez que grandes áreas de sua ocorrência natural estão sendo devastadas e a espécie se encontra na lista de espécies em extinção (Ferro, 2011).

Além dos tradicionais estudos morfológicos e fenológicos, os marcadores moleculares têm sido utilizados com sucesso na avaliação e quantificação da diversidade genética existente em bancos de germoplasma. Com o advento das técnicas modernas de biologia molecular, surgiram diversos métodos de detecção de polimorfismo genético diretamente no DNA. Essas técnicas possuem vantagens, como permitir a obtenção de grande número de marcadores moleculares e alto grau de polimorfismo, além de não ser influenciadas por condições ambientais e não apresentar efeito pleiotrópico (Tanksley et al., 1989).

Marcadores moleculares tipo RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) são muito utilizados para estudos de diversidade genética (Williams et al., 1993; Ferreira & Grattapaglia, 1998), o que se deve a suas características de rapidez e simplicidade na obtenção dos resultados, cobertura de todo genoma do indivíduo em estudo, facilidade de implementação e menor custo comparativo a outros marcadores (Sadder & Ateyyeh, 2006).

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a diversidade genética existente entre acessos do BAG de mangaba (*Hancornia speciosa* G.), pertencente à Embrapa Tabuleiros Costeiros, utilizando marcadores moleculares RAPD, com o intuito de viabilizar a manutenção, direcionar a ampliação e permitir posteriores usos destas informações em trabalhos de melhoramento e seleção.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas duas plantas de cada um dos sete acessos iniciais de mangabeira do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros, localizado em Itaporanga d'Ajuda, Sergipe, identificados quanto à sua origem, e dados morfológicos (Tabela 1).

DNA de folhas jovens de cada genótipo foram extraídos seguindo-se protocolo descrito em Nienhuis et al. (1995). Para os ensaios de PCR, foram utilizados 12 iniciadores (*primers*) da marca IDT (*Integrated DNA Technologies*). Cada reação constituiu-se de 3 µL do DNA genômico (50 ng/µL); 1,30 µL de tampão PCR 10X; 1 µL de MgCl₂ 50 mM; 1,04 µL de dNTP 2,5mM; 0,2 µL de Taq DNA polimerase (2U); 2,5 µL do iniciador (30 ng/µL) e 2,92 µL de água ultra-pura. As reações foram conduzidas em termociclador (*Uniscience Biometra Tpersonal*) programado para uma sequência inicial de 2 minutos a 94°C, 45 ciclos de 15 segundos a 94°C; 30 segundos a 42°C; 30 segundos a 72°C e um ciclo final de 2 minutos a 72°C. Uma alíquota de 10 µL (7 µL de reação + 3 µL de tampão de amostra) de cada amostra foi aplicada em gel de agarose a 1,2%. Os produtos de PCR foram corados com brometo de etídio (0,5 µg/mL) por 15 minutos e visualizados em transluminador sob luz ultravioleta.

Os perfis eletroforéticos foram codificados a uma matriz binária e ela foi submetida ao programa PAUP (*Phylogenetic Analysis Using Parsimony* - versão 3.01) (Swofford, 2002)

Tabela 1. Identificação dos 14 indivíduos de mangabeira (*Hancornia speciosa* G.) do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros. H – altura da planta, IC – Inserção da Copa, L – Comprimento da copa, DAP – Diâmetro a altura do peito, e FC – Forma da copa

Table 1. Identification of the 14 individuals of *Hancornia speciosa* G. belonging to the gemoplasm bank collection - Embrapa Tabuleiros Costeiros. H- plant height, IC –crown insertion, L- crown length, DAP- Breast height diameter, and FC – crown shape

Código	Acesso	Origem	Procedência	Estado	Longitude (S)	Latitude (O)
M1	AB1	Água Boa	Salvaterra	Pará	0°46'31"	48°31'05"
M2	AB2	Água Boa	Salvaterra	Pará	0°46'31"	48°31'05"
M3	TC1	Terra Caída	Indiaroba	Sergipe	11°31'10"	37°30'47"
M4	TC2	Terra Caída	Indiaroba	Sergipe	11°31'10"	37°30'47"
M5	PT1	Pontal	Indiaroba	Sergipe	11°31'10"	37°30'47"
M6	PT2	Pontal	Indiaroba	Sergipe	11°31'10"	37°30'47"
M7	CA1	Costa Azul	Jandaíra	Bahia	11°33'32"	47°47'06"
M8	CA2	Costa Azul	Jandaíra	Bahia	11°33'32"	47°47'06"
M9	BI1	Barra do Itariri	Conde	Bahia	11°48'39"	37°36'40"
M10	BI2	Barra do Itariri	Conde	Bahia	11°48'39"	37°36'40"
M11	PR1	Preguiça	Indiaroba	Sergipe	11°31'10"	37°30'47"
M12	PR2	Preguiça	Indiaroba	Sergipe	11°31'10"	37°30'47"
M13	LG1	Lagoa Grande	Mata de São João	Bahia	12°31'49"	38°17'58"
M14	LB2	Lagoa Grande	Mata de São João	Bahia	12°31'49"	38°17'58"
Dados morfológicos						
		H (cm)	IC (cm)	L (cm)	DAP (cm)	FC (cm)
M1	AB1	200	10	190	0,29	0,45
M2	AB2	204	10	194	0,34	1,04
M3	TC1	297	35	262	0,44	0,95
M4	TC2	260	30	230	0,43	1,39
M5	PT1	287	18	269	0,35	0,96
M6	PT2	304	26	278	0,45	0,81
M7	CA1	260	30	240	0,45	1,42
M8	CA2	260	20	230	0,37	0,78
M9	BI1	314	43	271	0,42	0,87
M10	BI2	324	26	298	0,40	0,91
M11	PR1	307	19	288	0,37	0,83
M12	PR2	280	20	260	0,35	0,78
M13	LG1	297	35	262	0,44	0,95
M14	LB2	260	30	230	0,44	1,39

para a determinação da distância genética entre os genótipos. Foi escolhida a dissimilaridade pelo coeficiente de Jaccard (1908) e foram estimados os erros padrões associados à distância segundo Skroch et al. (1992) com nível de confiabilidade $p < 0,001$. Para a realização do agrupamento foi utilizado o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) na construção das relações filogenéticas e Análises de Coordenas Principais (ACoP), utilizando o pacote estatístico XLSTAT (Addinsoft, 2009).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os marcadores RAPD foram úteis para detectar polimorfismo entre os genótipos. A utilização dos 12 iniciadores permitiu a obtenção de 106 bandas, sendo 92 polimórficas (86,79%) (Tabela 2). O primer com maior

número de fragmentos polimórficos foi IDT13 (12) e o menor IDT18 (3).

No presente estudo, a similaridade média foi 0,40 ($\pm 0,04$), a amplitude genética variou de 0,08 ($\pm 0,04$) (M10 e M11) a 0,60 ($\pm 0,05$) (M6 e M8; M6 e M12) (Tabela 3). O par de acessos mais similar e o mais divergente foram de regiões geográficas diferentes (Bahia e Sergipe), o que faz inferir que a troca de material genético entre populações vizinhas não é limitada geograficamente e que, com o aumento da distância física, os genótipos tendem a apresentar maior diversidade genética (Mahesh et al., 2008).

A técnica de RAPD mostrou-se eficiente no estudo da variabilidade genética, caracterizando indivíduos, sendo rápida, simples, requerendo menor quantidade de DNA e com baixos custos (Upadhyay et al., 2004; Nunes et al., 2008), facilitando a seleção de indivíduos mais propícios com base em características desejadas (Santos et al., 2010).

Foram observados onze pares com dissimilaridade maior

Tabela 2. Relação dos iniciadores selecionados, com suas respectivas sequências e número de fragmentos polimórficos (NFP) gerados**Table 2.** List of selected primers, with their respective sequences and number of polymorphic fragments (NFP) generated

Iniciador	Sequência 5' – 3'	NFP
IDT03	GTT TCG CTC C	9
IDT04	TGA TCC CTG G	10
IDT06	GTG AGG CGT C	5
IDT11	ACG GAT CCT G	11
IDT12	GAG GAT CCC T	8
IDT13	CTA CGG AGG A	12
IDT14	GGC ACT GAG G	11
IDT15	GGT CGG AGA A	4
IDT16	TCG GAC GTG A	4
IDT17	ACC TGG ACA C	7
IDT18	CCC GGC ATA A	3
IDT20	GGA GGA GAG G	8
Total		92

que 0,50: dois pares (M6 e M8; M6 e M12) com uma distância de 0,60 ($\pm 0,05$), três pares (M5 e M2; M6 e M9; M6 e M10) com 0,59 ($\pm 0,05$), um (M5 e M8) com 0,57 ($\pm 0,05$), dois (M2 e M4; M5 e M9) com 0,56 ($\pm 0,05$), dois (M6 e M11; M6 e M12) com 0,55 ($\pm 0,05$) e um (M7 e M12) com 0,54 ($\pm 0,05$). Estes acessos mais divergentes devem ter prioridades para futuros estudos, já que a melhoria das culturas através da utilização da diversidade genética presente no germoplasma é um fator chave para um programa de reprodução bem sucedido (Renganayaki et al., 2001). A variação de genética entre genótipos pode ser uma maneira prática de selecionar pais para a formação de uma progênie mais interessante tanto economicamente, como para a formação de indivíduos mais divergentes (Ahmad et al., 2010).

Tabela 3. Matriz de dissimilaridade genética (abaixo da diagonal) de Jaccard (1908) e erro padrão estimado (acima da diagonal) entre os 14 indivíduos de *Hancornia speciosa* G. analisados por meio de marcadores RAPD**Table 3.** Jaccard's (1908) genetic dissimilarity matrix (below diagonal) and estimated standard error (above diagonal) among the 14 individuals of *Hancornia speciosa* G. analyzed by RAPD markers

	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	M9	M10	M11	M12	M13	M14
M1	-	0,04	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
M2	0,26	-	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,03	0,04	0,05	0,04	0,05	0,05
M3	0,26	0,32	-	0,04	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
M4	0,46	0,56	0,35	-	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
M5	0,47	0,59	0,41	0,32	-	0,04	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
M6	0,45	0,48	0,43	0,38	0,34	-	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
M7	0,46	0,47	0,44	0,42	0,37	0,38	-	0,04	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
M8	0,29	0,10	0,31	0,35	0,57	0,60	0,43	-	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
M9	0,32	0,15	0,34	0,38	0,56	0,59	0,42	0,38	-	0,02	0,04	0,03	0,04	0,05
M10	0,45	0,26	0,43	0,49	0,54	0,59	0,48	0,45	0,19	-	0,04	0,03	0,04	0,05
M11	0,35	0,16	0,33	0,40	0,55	0,56	0,41	0,37	0,09	0,08	-	0,03	0,04	0,05
M12	0,48	0,25	0,37	0,46	0,55	0,60	0,54	0,48	0,22	0,23	0,14	-	0,04	0,05
M13	0,33	0,30	0,31	0,26	0,35	0,38	0,34	0,33	0,26	0,27	0,30	0,26	-	0,04
M14	0,33	0,30	0,31	0,26	0,35	0,38	0,34	0,33	0,26	0,27	0,30	0,26	-	0,24

No agrupamento UPGMA (Figura 1) foram identificados três grupos principais – (G1) formado pelos acessos M8, M7, M6 e M5; (G2) formado por M13, M11, M10, M9, M13, M2 e M14, e um terceiro (G3) formado pelos acessos M4, M3, M1.

Os três grupos apresentam genótipos de diferentes origens geográficas, sendo que os mais distantes geographicamente correspondem aos acessos da Ilha de Marajó (M1 – 0,27) e Lagoa Grande – BA (M14 – 0,28). Os acessos representantes de Terra Caída-SE (acessos M3 e M4 – 0,13) e Barra do Itariri – BA (Acessos M9 e M10 – 0,06) apresentaram baixa dissimilaridade, ou seja alta similaridade. Este resultado é esperado, uma vez que os indivíduos compartilham a mesma localização geográfica. Os resultados reforçam a idéia que a caracterização dos acessos do BAG é importante e necessária, pois assegura informações sobre fontes de genes para utilização futura.

Observando-se a média dos dados morfológicos dos grupos obtidos pelo método UPGMA (Tabela 4), o grupo G2 apresentou maiores valores para todas as características, seguido pelo grupo G1 e G3, salvo para o DAP.

Para o agrupamento ACoP, os dois primeiros autovalores reuniram 58,56% da variância total, sendo que para explicar 80% da variação, seriam necessários 8 dos 14 autovalores detectados. De acordo com a ACoP foi possível a formação de 4 grupos compostos por mais de um indivíduo, sendo (em sentido horário) o primeiro formado pelos indivíduos M9, M10, M12, M13 e M11 (V), um segundo composto por M7 e M8 (IV), o terceiro por M6 e M5 (III), e o último por M3 e M1 (I). Os indivíduos M2 (II), M14 (VII) e M4 (VI) foram os mais distantes e não foram englobados por qualquer grupo (Figura 2).

Tanto por meio do método de agrupamento UPGMA, como pelo ACoP foi possível verificar uma aglomeração natural dos genótipos, ratificando a diversidade genética encontrada entre os indivíduos deste estudo. A maioria dos acessos agrupou-

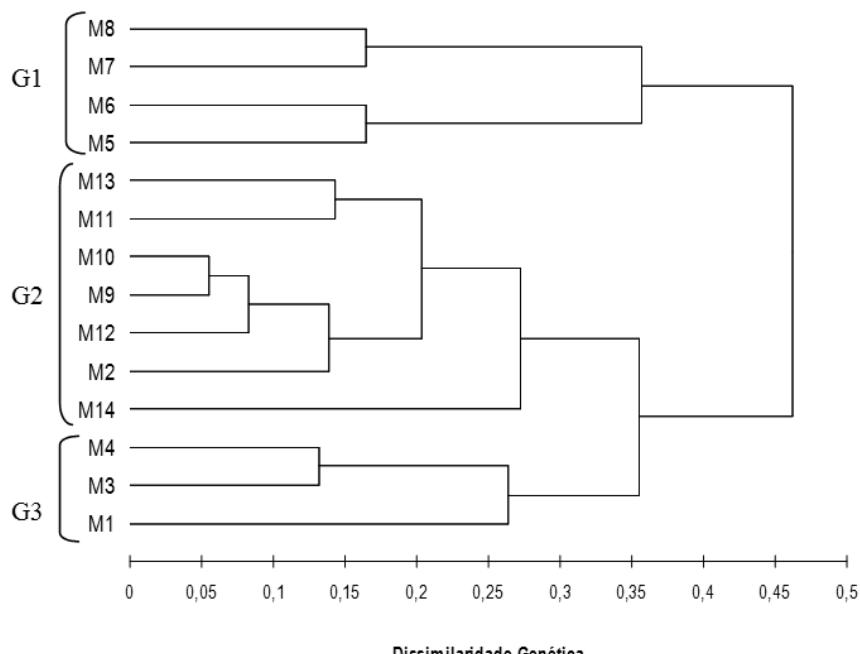


Figura 1. Análise de agrupamento UPGMA para 14 acessos de *Hancornia speciosa* G. do Banco de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros utilizando marcadores RAPD

Figure 1. UPGMA cluster analysis for 14 accessions of *Hancornia speciosa* G. belonging to the Germoplasm Bank - Embrapa Tabuleiros Costeiros, using RAPD markers

Tabela 4. Média estimada dos dados morfológicos entre os grupos de *Hancornia speciosa* G. formados pelo método UPGMA. H – altura da planta, IC – Inserção da Copa, L – Comprimento da copa, DAP – Diâmetro a altura do peito, e FC – Forma da copa

Table 4. Estimated mean of the morphological data between the groups of *Hancornia speciosa* G. formed by the UPGMA method. H- plant height, IC –crown insertion, L- crown length, DAP- Breast height diameter, and FC – crown shape

Grupo UPGMA	H (cm)	DAP (cm)	IC (cm)	L (cm)	FC (cm)
G1	277,7	0,40	25,0	254,2	1,00
G2	283,7	0,39	26,1	257,6	0,97
G3	252,3	0,39	23,5	227,3	0,93

se de acordo com o sítio de coleta, e os indivíduos (M9, M10, M13, M12 e M11), oriundos da Bahia e Sergipe, apresentaram maior similaridade genética. A similaridade entre indivíduos de regiões próximas como Sergipe e Bahia pode ser explicada pela circulação de genes dentro de populações de plantas que estão condicionadas pelo grau de compatibilidade genética entre os indivíduos da população. Em populações de plantas alógamas, como a mangaba, os indivíduos que estão próximos normalmente têm menor probabilidade de cruzarem do que plantas que estão mais distantes, contribuindo para a proximidade genética entre populações (Loveless & Hamrick, 1984).

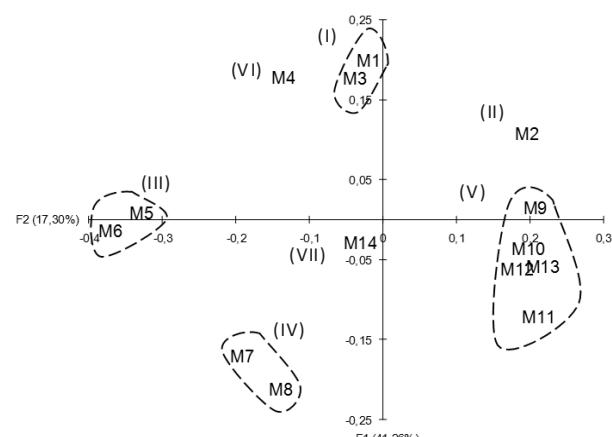


Figura 2. Análise de Coordenadas Principais (ACoP) para 14 acessos de *Hancornia speciosa* G. do Banco de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros utilizando marcadores RAPD

Figure 2. Principal Coordinate Analysis (ACoP) for 14 accessions of *Hancornia speciosa* G. belonging to the Germoplasm Bank - Embrapa Tabuleiros Costeiros, using RAPD markers

A média dos dados morfológicos dos grupos obtido pelo método ACoP estão na tabela 5. Para as características H e L, o grupo V apresentou os maiores valores para IC e V, e DAP e VII. O grupo II apresentou a menor média para todas as características, salvo o FC que foi observado para o grupo I.

Em programas de melhoramento devem ser priorizadas plantas com porte menor, aliadas ao fator de produção de frutos. Com posse dos dois agrupamentos para o BAG Mangaba, os indivíduos M2, M4 e M14 apresentam possíveis características de interesse, tanto por apresentarem maiores distâncias genéticas, como de porte do indivíduo, e devem ser considerados em futuros trabalhos de melhoramento, já que o tamanho e tipo da copa são fatores importantes na hora da coleta dos frutos, que é feita de maneira totalmente manual (Fonseca et al., 1994).

O emprego de mais de um método de agrupamento, em razão das diferenças na hierarquização, otimização e ordenação dos grupos, permite que a classificação deles se complemente em função dos critérios que cada técnica utiliza, e impede que inferências errôneas sejam adotadas na alocação de materiais, dentro de um determinado subgrupo de genótipos (Arriel et al., 2006).

Dentre os pares de indivíduos que apresentaram alta similaridade, um acesso de cada par deve ser excluído do BAG para promover a unicidade de cada indivíduo, além disso, se faz necessária à inserção de novos acessos coletados em áreas diferentes, de maneira que os genótipos adquiridos contribuam com a diversidade genética do banco, além de ampliar as possibilidades para programas de melhoramento ou de seleção de acessos para os agricultores, ou ainda nortear programas de conservação.

O BAG de mangaba criado pela Embrapa Tabuleiros Costeiros é recente e está em pleno desenvolvimento; os dados parciais gerados poderão auxiliar futuros trabalhos e direcionar novas ações de coleta e ampliação. Os caracteres morfológicos associados a cada genótipo serão realizados continuamente e os grupos formados poderão ser úteis quando cruzados com os dados observados (por exemplo, data de florescimento, época de colheita, tamanho e cor do fruto) para seleção e melhoramento, pois permitirão classificar os diferentes indivíduos em grupos homogêneos, eleger e selecionar materiais promissores, a fim de introduzi-los nos sistemas de produção da região.

Tabela 5. Média estimada dos dados morfológicos entre os grupos de *Hancornia speciosa* G. formados pelo método ACoP. H – altura da planta, IC – Inserção da Copa, L – Comprimento da copa, DAP – Diâmetro a altura do peito, e FC – Forma da copa

Table 5. Estimated mean of the morphological data between the groups of *Hancornia speciosa* G. formed by the ACoP method. H- plant height, IC –crown insertion, L- crown length, DAP- Breast height diameter, and FC –crown shape

Grupo ACoP	H (cm)	DAP (cm)	IC (cm)	L (cm)	FC (cm)
I	248,5	0,36	22,5	226,0	0,70
II	204,0	0,34	10,0	194,0	1,04
III	295,5	0,40	22,0	273,5	0,88
IV	260,0	0,41	25,0	235,0	1,10
V	304,4	0,40	28,6	275,8	0,87
VI	260,0	0,43	30,0	230,0	1,39
VII	260,0	0,44	30,0	230,0	1,39

CONCLUSÕES

No BAG de mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros foram encontrados três pares de indivíduos identificados como mais divergentes (M2, M4 e M14), que poderão servir de base para o desenvolvimento de estratégias de seleção ou melhoria da cultura.

LITERATURA CITADA

- Addinsoft. XLSTAT for Windows. <http://www.xlstat.com/>. 15 Jan. 2009.
- Aguiar Filho, S.P.; Bosco, J.; Araújo, I.A. A mangabeira (*Hancornia speciosa*) domesticação e técnicas de cultivo. João Pessoa: EMEPA-PB, 1998. 26p. (Documento, 24).
- Ahmad, F.; Khan, A.I.; Awan, F.S.; Sadia, B.; Sadaqat, H.A.; Bahadur, S. Genetic diversity of chickpea (*Cicer arietinum* L.) germplasm in Pakistan as revealed by RAPD analysis. Genetics and Molecular Research, v.9, n.3, p.1414-1420, 2010. <http://dx.doi.org/10.4238/vol9-3gmr862>
- Arriel, N.H.; Di Mauro, A.O.; Di Mauro, S.M.; Bakke, O.A.; Uneda-Trevisoli, S.H. et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.41, n.5, p.801-809, 2006. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000500012>
- Bezerra, J.E.F.; Lederman, I.E.; Pedrosa, A.C.; Dantas, A.P.; Moura, R.J.M. de; Melo Neto, M.; Soares, L.M. Conservação *in vivo* de germoplasma de fruteiras tropicais nativas e exóticas em Pernambuco. In: Simpósio Nacional De Recursos Genéticos De Fruteiras Nativas, 1992, Cruz das Almas. Anais... Cruz das Almas: Embrapa-CNPBMF, 1993. p.13-27.
- Darrault, R.O.; Schlindwein, C. Polinização. In: Silva Junior, J.F.; Ledo, A.S. (Org.). A cultura da mangabeira. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2006. p.43-56.
- Ferreira, M.E.; Grattapaglia D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. Brasília: Embrapa-CENARGEN, 1998. 220p.
- Ferro, R. Brasil tem 21 sabores sob risco de extinção; Envolve Verde Revista Digital. <http://www.envolverde.com.br/materia.php?cod=85398&edt=10>. 10 Jan. 2011.
- Fonseca, C.E.L.; Condé, R.C.C.; Silva, J. A. Influência da profundidade de semeadura e da luminosidade na germinação de sementes de mangaba (*Hancornia speciosa* Gom.). Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 29, n.4, p.661-666, 1994.
- Jaccard, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. Société Vaudoise des Sciences Naturelles, v.44, p.223-270, 1908.
- Lederman, I.E.; Silva Jr, J.F.; Bezerra, J.E.F.; Espindola, A.C.M. Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes). Jaboticabal: Funep, 2000. 53p. (Série Frutas Nativas, 2).
- Loveless, M.D.; Hamrick, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. Annual Review of Ecology and Systematics, v.15, p.65-95, 1984. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.es.15.110184.000433>

- Mahesh, R.; Nirmal Kumar, N. Mary Sujin, R. Molecular Analysis in *Rauvolfia tetraphylla* L. using RAPD markers. Ethnobotanical Leaflets, v.12, n.1, p.1129-1136, 2008.
- Mattietto, R. A.; Soares, M. S.; Ribeiro, C. C. Caracterização física e físico-química de frutos de mangaba provenientes de Belém-PA. In: Simpósio Brasileiro sobre a Cultura da Mangaba, 2003, Aracajú. Anais... Aracajú: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003. CD Rom.
- Moura, N.F. Estrutura genetic de subpopulações de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gómez) nos cerrados do Brasil. Goiânia: Universidade Federal de Goiás. 2003. 70p. Dissertação Mestrado.
- Nienhuis, J.; Tivang, J.; Skroch, P.; Santos, J.B. Genetic relationships among cultivars and landraces of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD markers. Journal of the American Society for Horticultural Science, v.120, n.2, p.300-306, 1995.
- Nunes, A.M.; Biachi, V.J.; Fachinello, J.C.; Carvalho, A.Z.; Cardoso, G. Caracterização molecular de butiazeiro por marcadores RAPD. Revista Brasileira de Fruticultura, v.30, n.3, p.702-707, 2008. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-29452008000300024>
- Renganayaki, K.; Read, J.C.; Fritz, A.K. Genetic diversity among Texas bluegrass genotypes (*Poa Arachnifera* Torr.) revealed by AFLP and RAPD markers. Theoretical and Applied Genetics, v.102, n.6-7, p.1037-1045, 2001. <http://dx.doi.org/10.1007/s001220000521>
- Sadder, M. T.; Ateyyeh, A. F. Molecular assessment of polymorphism among local Jordanian access of common fig (*Ficus carica* L.). Science Horticulturae, v.107, n.4, p.345-351, 2006. <http://dx.doi.org/10.1016/j.scienta.2005.11.006>
- Santos, I.L.V.L.; Silva, P. G.; Lima, S.F.; Souza, P.R.E.; Tabosa, J.N.; Maia, M.M.D. Utilização de RAPD na caracterização molecular de acessos de sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) recomendados para o semi-árido de Pernambuco. Revista Brasileira de Ciências Agrárias, v.5, n.1, p.60-66, 2010. <http://dx.doi.org/10.5039/agraria.v5i1a679>
- Silva Junior, J.F.; Xavier, F.R.S.; Ledo, C.A.S.; Neves Junior, J.S.; Mota, D.M.; Schmitz, H.; Musser, R.S.; Ledo, A.S. Variabilidade em populações naturais de mangabeira do litoral de Pernambuco. Magistra, v.19, n.4, p.373-378, 2007.
- Skroch, P.W.; Tivang, J.; Nienhuis, J. Analysis of genetic relationship using RAPD marker data. In: IUFRO International Conference: "Breeding tropical trees" Section 202-08, 1992, Cali, Colombia. Proceedings... Cali: IUFRO, 1992. p. 26-30.
- Souza, F.G; Figueiredo, R.W.; Alves, R.E.; Maia, G.A.; Araújo, I.A. Qualidade pós-colheita de frutos de diferentes clones de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes). Ciência e Agrotecnologia, v.31, n.5, p. 1449-1454, 2007. <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542007000500027>
- Swofford, D. L. PAUP. Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods). Version 4. Sunderland: Sinauer, 2002. CD Rom.
- Tanksley, S. D.; Young, N. D.; Paterson, A.H.; Bonierbale, M.W. RFLP mapping in plant breeding: new tools for an old science. Nature Biotechnology, v.7, n. 3, p.257-264, 1989. <http://dx.doi.org/10.1038/nbt0389-257>
- Upadhyay, A.; Jayadev, K.; Manimekalai, R.; Parthasarathy, V.A. Genetic relationship and diversity in Indian coconut accessions based on RAPD markers. Scientia Horticulturae, v.99, n.3-4, p.353-362, 2004. [http://dx.doi.org/10.1016/S0304-4238\(03\)00103-1](http://dx.doi.org/10.1016/S0304-4238(03)00103-1)
- Vieira Neto, R.D. Mangaba. In: Vieira Neto, R.D. (Org.). Fruteiras potenciais para os tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros/Emdagro, 2002. p.115-140.
- Williams, J.G.; Hanafey, M.K.; Rafalski, J.A.; Tingey, S.V. Genetic analysis using Random Amplified Polymorphic DNA markers. Methods in Enzymology, v.218, p.704-740, 1993. [http://dx.doi.org/10.1016/0076-6879\(93\)18053-F](http://dx.doi.org/10.1016/0076-6879(93)18053-F)