

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Estado da Arte da Pesquisa em Recursos Genéticos

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Estado da Arte da Pesquisa em Recursos Genéticos

Atena Editora
2019

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Executiva: Prof^a Dr^a Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Rafael Sandrini Filho
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof^a Dr^a Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Prof^a Dr^a Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Prof^a Dr^a Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Prof^a Dr^a Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof^a Dr^a Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Prof^a Dr^a Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Prof^a Dr^a Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Prof^a Dr^a Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof.^a Dr.^a Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Conselho Técnico Científico

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
E79	Estado da arte da pesquisa em recursos genéticos [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019. Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader. Modo de acesso: World Wide Web. Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-628-7 DOI 10.22533/at.ed.287191609 1. Genética – Pesquisa – Brasil. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da. CDD 575.1
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

Apresentamos o livro “Estado da Arte da Pesquisa em Recursos Genéticos”, um material rico e direcionado à todos acadêmicos e docentes da subárea da biologia denominada genética.

Sem sombra de dúvidas a genética e suas aplicações tem influenciado diversas pesquisas promissoras em todo o mundo, contribuindo de forma significativa na saúde, agricultura, economia e biotecnologia. Compreender essa ciência e suas diferentes interfaces é um dos objetivos principais do conteúdo desta obra.

A genética aliada à revolução tecnológica tem contribuído grandemente com o avanço no campo da pesquisa básica e aplicada. Da mesma forma as descobertas propiciadas pelos estudos e artigos de diversos pesquisadores possibilitaram um entendimento mais amplo desta importante área. Como sabemos a genética possui um campo vasto de aplicabilidades que podem colaborar e cooperar grandemente com os avanços científicos e entender um pouco mais da pesquisa e recursos genéticos é o enfoque desta obra.

Assim abordamos aqui assuntos relativos aos avanços e dados científicos aplicados aos recursos genéticos, oferecendo um breve panorama daquilo que tem sido feito no país. O leitor poderá se aprofundar em temas direcionados à variabilidade, diversidade genética, produtividade, variedades tradicionais, inovação, proteômica, novos protocolos, fruteiras nativas, populações, gargalo, seleção, variedade genética, produtividade, migração, criopreservação, dentre outros.

Esperamos que mais uma vez o conteúdo deste material possa somar de maneira significativa aos novos conceitos aplicados à genética, influenciando e estimulando cada vez mais a pesquisa nesta área em nosso país. Parabenizamos cada autor pela teoria bem fundamentada aliada à resultados promissores, e principalmente à Atena Editora por permitir que o conhecimento seja difundido e disponibilizado para que as novas gerações se interessem cada vez mais pelo ensino e pesquisa em genética.

Desejo à todos uma ótima leitura!
Benedito Rodrigues da Silva Neto

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA EM ANGOLA	
Rosalina Esperança Da Silva Carlos	
Sandra Domingos João Afonso	
Ricardo Franco Cunha Moreira	
Elaine Costa Cerqueira-Pereira	
DOI 10.22533/at.ed.2871916091	
CAPÍTULO 2	5
AVALIAÇÃO DO POTENCIAL PRODUTIVO E CARACTERÍSTICAS MORFOFISIOLÓGICAS DE AMOSTRAS DE VARIEDADES DE FEIJÃO-CAUPI DO ACRE PARA DESENVOLVIMENTO DE PROGÊNIES E SELEÇÃO DE LINHAGENS	
Caroline Nascimento dos Santos	
Joões Alves da Silva Pereira	
Vanderley Borges dos Santos	
Hiuri Negreiros de Albuquerque	
Mateus Martins da Silva	
Matheus Matos do Nascimento	
Maria Rosângela da Silva Melo	
Wilson José dos Santos	
DOI 10.22533/at.ed.2871916092	
CAPÍTULO 3	11
CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE AÇUCENA (<i>Amaryllidaceae</i>) COLETADOS NO ESTADO DO CEARÁ	
Rita de Cassia Alves Pereira	
Ana Cecília Ribeiro de Castro	
Antônio Marcos Esmeraldo Bezerra	
DOI 10.22533/at.ed.2871916093	
CAPÍTULO 4	18
CONSERVAÇÃO DE TECIDOS DO APARELHO UROGENITAL DE AVES MANTIDOS EM SORO FISIOLÓGICO SOB-REFRIGERAÇÃO POR ATÉ 48 HORAS PARA EXTRAÇÃO DE PROTEÍNAS	
Tauane Catilza Lopes Fernandes	
Shaline Séfara Lopes Fernandes	
DOI 10.22533/at.ed.2871916094	
CAPÍTULO 5	26
DIVERSIDADE GENÉTICA DE <i>Campomanesia adamantium</i> (Cambess.) O. Berg POR MEIO DE CARACTERES AGROMORFOLÓGICOS	
Diego Cerveira de Souza	
Terezinha Aparecida Teixeira	
DOI 10.22533/at.ed.2871916095	
CAPÍTULO 6	36
DIVERSIDADE GENÉTICA DO BACURIZEIRO (<i>Platonia insignis</i> MART.) UTILIZANDO O MARCADOR ISSR EM CHAPADINHA – MA	
Jonas Alves Mesquita	
Edyane Moraes dos Santos	
André Luiz Raposo Barros	
Gabriel Garcês Santos	
Claudio Adriano de Jesus Nascimento	

Luana Corrêa Silva
Phelipe Silva de Araújo
José de Ribamar Silva Barros
DOI 10.22533/at.ed.2871916096

CAPÍTULO 7 46

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DA ABELHA TIÚBA (*Melipona fasciculata* SMITH, 1854 - HYMENOPTERA, APIDAE) BASEADA NO MARCADOR ISSR

Diego Marques Costa Silva
Gustavo Lucas Bezerra Tinoco
Jonas Alves Mesquita
Laelson Rodrigues Ferreira e Ferreira
Hugo Almeida Ferreira
Edyane Moraes dos Santos
José de Ribamar Silva Barros

DOI 10.22533/at.ed.2871916097

CAPÍTULO 8 58

MEL DE TIÚBA: AUMENTO DA PRODUÇÃO DE MEL POR MEIO DA MELIPONICULTURA MIGRATÓRIA

Gustavo Lucas Bezerra Tinoco
Diego Marques Costa Silva
Jonas Alves Mesquita
Hugo Almeida Ferreira
Laelson Rodrigues Ferreira e Ferreira
Gabriel Garcês Santos
José De Ribamar Silva Barros

DOI 10.22533/at.ed.2871916098

CAPÍTULO 9 67

USO DE CRIOPROTETORES PARA A PRESERVAÇÃO DE COLEÇÕES MICROBIANAS MANTIDAS PARA PD&I

Eunice Ventura Barbosa
Clarissa Varajão Cardoso
Helena Magalhães *In memoriam*
Evelize Folly das Chagas
Helena Carla Castro
Maíra Halfen Teixeira Liberal

DOI 10.22533/at.ed.2871916099

SOBRE O ORGANIZADOR..... 79

ÍNDICE REMISSIVO 80

DIVERSIDADE GENÉTICA DO BACURIZEIRO (*Platonia insignis* MART.) UTILIZANDO O MARCADOR ISSR EM CHAPADINHA – MA

Jonas Alves Mesquita

Universidade Estadual do Maranhão, curso de
Agronomia – Maranhão, MA

Edyane Moraes dos Santos

Universidade Federal de São Carlos, Doutoranda
em Genética Evolutiva e Biologia Molecular – São
Carlos, SP

André Luiz Raposo Barros

Universidade Estadual do Maranhão, Doutorando
da Rede Biodiversidade e Biotecnologia da
Amazônia (BIONORTE) – Maranhão, MA

Gabriel Garcês Santos

Universidade Estadual do Maranhão, curso de
Agronomia – Maranhão, MA

Claudio Adriano de Jesus Nascimento

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro,
Mestrando em Agronomia – Rio de Janeiro, RJ

Luana Corrêa Silva

Universidade Estadual do Maranhão, curso de
Agronomia – Maranhão, MA

Phelipe Silva de Araújo

Universidade Estadual do Maranhão, curso de
Agronomia – Maranhão, MA

José de Ribamar Silva Barros

Universidade Estadual do Maranhão,
Departamento de Química e Biologia/DQB –
Maranhão, MA

Limpa, localizada no Município de Chapadinha. O local estudado foi a Reserva Extrativista da Chapada Limpa, em Chapadinha, Maranhão. Foram realizadas coletas de material foliar na reserva, onde foram separadas duas subpopulações de 15 indivíduos, totalizando 30 indivíduos. O DNA foi extraído segundo o protocolo CTAB, e logo após realizado PCR com os marcadores moleculares ISSR. Os resultados da AMOVA mostraram alta diversidade genética dentro das populações (82,2%) e baixa diversidade entre as populações (14,7%). Foram encontradas $\phi_{st} = 0,17$, $P < 0,001$ (FAMD), e $F_{st} = 0,147$ (Arlequin). Com relação ao índice de diversidade genética, a variação da heterozigosidade (H_e) foi de 0,133 a 0,533 (média - 0,333) na população 1 e 0,133 a 0,514 (média: 0,388) na população 2. Na análise do gargalo, H_e foi maior que H_{eq} na maioria dos locus, registrado nos modelos I.A.M. e S.M.M. O coeficiente de Jacard, calculados na matriz de distância variaram de 0,818 a 0,111, indicando altas e baixas correlações entre os indivíduos.

PALAVRAS-CHAVE: Reserva; populações; gargalo.

GENETIC DIVERSITY OF THE BACURIZEIRO

(*Platonia insignis* MART.) USING THE ISSR

RESUMO: O trabalho teve como objetivo o estudo da diversidade genética de populações de bacurizeiros na Reserva Extrativista Chapada

ABSTRACT: The objective of this work was to study the genetic diversity of populations of bacurizeiros in the Chapada Limpa Extractive Reserve, located in the municipality of Chapadinha. The study site was the Chapada Limpa Extractive Reserve in Chapadinha, Maranhão. Leaf collections were collected in the reserve, where two subpopulations of 15 individuals were separated, totaling 30 individuals. The DNA was extracted according to the CTAB protocol, and soon after performing PCR with the molecular markers ISSR. The AMOVA results showed high genetic diversity within populations (82.2%) and low diversity among populations (14.7%). We found $\phi_{st} = 0.17$, $P < 0.001$ (FAMD), and $F_{st} = 0.147$ (Harlequin). Regarding the genetic diversity index, the variation in heterozygosity (H_e) ranged from 0.133 to 0.533 (mean - 0.333) in population 1 and 0.133 to 0.514 (mean: 0.388) in population 2. In the bottleneck analysis, H_e was greater than H_{eq} in most of the locus, registered in the IAM models and S.M.M. The Jacard coefficient, calculated in the distance matrix ranged from 0.818 to 0.111, indicating high and low correlations between individuals.

KEYWORDS: Reserve; populations; neck.

1 | INTRODUÇÃO

O bacuri - “ba”- cair e “curi”- logo - (*Platonia insignis* Mart.), divisão Magnoliophyta, Classe Magnoliopsida, Ordem Malpighiales e Família Clusiaceae é considerada a única espécie do gênero *Platonia* (CAVALCANTE, 1996). É uma espécie nativa da Amazônia brasileira e possui centro de origem no Estado do Pará, onde estão estabelecidas densas e diversificadas populações naturais. É também encontrado, espontaneamente, nos outros Estados da Amazônia brasileira, no Piauí e Maranhão (CARVALHO, 2007). No Estado do Maranhão, a espécie está distribuída nas regiões da Amazônia Maranhense, Baixada Maranhense e nos Cerrados do extremo sul do Baixo Parnaíba (NASCIMENTO et al., 2007).

Ocorre em matas de terra firme e de vegetação aberta de transição, em áreas descampadas ou de vegetação baixa, sendo rara sua ocorrência em florestas primárias densas (CAVALCANTE, 1996). Desenvolve-se em regiões de clima úmido e semi-úmido e, também em regiões de cerrado e cerradão. Passou de uma fruta sem importância para uma árvore de interesse madeireiro e da valorização do seu fruto. O bacuri é uma das frutas mais populares da região amazônica. Contém polpa agridoce rica em potássio, fósforo e cálcio, que é consumida diretamente ou utilizada na produção de doces, sorvetes, sucos, geleias, licores e outras iguarias (ALVAREZ e POTIGUARA, 2013; HOMMA et al., 2010).

Existem poucos estudos moleculares e genéticos do Bacuri. A maioria dos estudos se referem a repetibilidade e relações fenotípicas (SILVA et al., 2009), bancos de germoplasma (GUIMARÃES, et al., 1992), composição e características do fruto (UEKANE, et al., 2017; LIMA E SILVA, et al., 2014; CARVALHO, 2003), métodos de

propagação (CARVALHO & NASCIMENTO, 2018), e aspectos ecológicos (SOUSA et al., 2000), entre outros trabalhos. Entre os estudos moleculares, destacamos o trabalho com marcadores ISSR Souza et al., (2013), em populações do Maranhão e Piauí, que encontraram 221 locus em 18 primers ISSR.

Entre os marcadores moleculares que inferem sobre a diversidade genética, marcadores dominantes binários, como o ISSR (“Inter simple sequence repeat amplification”), se destacam devido ao elevado grau de polimorfismo, reprodutibilidade e baixo custo (SALIMATH et al. 1995). O marcador molecular ISSR tem se mostrado uma poderosa ferramenta para análise da diversidade genética, bem como para a caracterização de diversas espécies. Por se tratar de um marcador multiloco que não requer conhecimento prévio do DNA a ser avaliado, o ISSR é uma técnica de baixo custo, de fácil uso e de grande reprodutibilidade.

No Maranhão, o bacurizeiro ocorre em áreas de intensa atividade agrícola, onde desmatamentos e queimadas são comuns e, como consequência, uma rápida redução no número de plantas existentes tem ocorrido e, por conseguinte, a diminuição da variabilidade genética (CARVALHO, et al., 2009). O surgimento de variedades adaptadas às condições de clima e solos do cerrado e os incentivos fiscais direcionados aos produtos de exportação, *comodities*, potencializam o processo migratório de ocupação das áreas, com agressão ao meio ambiente e às comunidades tradicionais (SOARES et al., 2007).

Tal perturbação pode acarretar em fragmentação das populações levando-as a uma limitação evolutiva. Estudos que comparam a estrutura genética populacional de espécies vegetais e graus de perturbação da paisagem são fundamentais para reconhecimento da perda genética real, fornecendo diretrizes para o uso racional dos recursos naturais e para que estratégias de conservação sejam propostas, garantindo a sobrevivência das espécies. Logo o trabalho teve como objetivo o estudo da diversidade genética de populações de bacurizeiros na Reserva Extrativista Chapada Limpa, localizada no Município de Chapadinha.

2 | METODOLOGIA

2.1 Área de Trabalho

Foram realizadas coletas de tecido foliar *Platonia insignis*, e georreferenciado os indivíduos estudados, no município de Chapadinha, Resex Chapada Limpa (Figura 1), com devida autorização do Sisbio (nº50329-1) e da autoridade competente do ICMBio-MA, responsável pela Resex.

A reserva extrativista Chapada Limpa, localizada na mesorregião leste do Estado do Maranhão, na cidade de Chapadinha, possui uma área de 11.973,05 hectares. Chapada Limpa é a quinta reserva extrativista criada no Maranhão, sendo a primeira

do bioma cerrado.

Na Resex a população tradicional faz extrativismo sustentável do babaçu (*Orbignya phalerata*), bacuri (*Platonia insignis*) e buriti (*Mauritia flexuosa*). Já Chapadinha possui uma área de 3247 km², uma população de aproximadamente 78348 habitantes e uma densidade demográfica de 22,59 habitantes km² segundo dados do IBGE (2016).

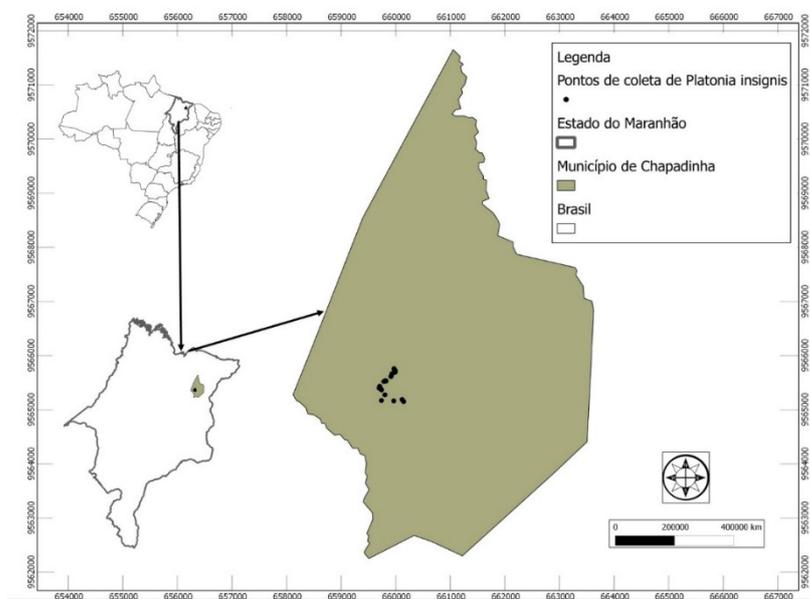


Figura 1: Localização da Resex Chapada Limpa- Maranhão e os pontos de coleta de *Platonia insignis*.

Foram amostradas 2 subpopulações divididas em dois agrupamentos (15 indivíduos por agrupamento), totalizando 30 indivíduos coletados. Dentro de cada agrupamento, os indivíduos foram amostrados em um espaçamento mínimo de 15 metros entre eles. De cada indivíduo foi coletado cerca de dez folíolos, que foram mantidos em sílica gel até o momento da extração de DNA.

2.2 Extração de DNA e PCR

A extração do DNA genômico foi realizada com base no protocolo no protocolo de Doyle e Doyle (1987), utilizando-se cerca de 1 g de folha seca de cada amostra. Após todo o procedimento de extração o DNA foi submetido a eletroforese em gel de agarose 1% para a visualização do material genético e confirmação de sua extração, análise de sua integridade e estimativa de sua concentração.

Após a extração de DNA e corrida em eletroforese, o material genético foi submetido à técnica de PCR (Reação em Cadeia da Polimerase). Foram selecionados 15 primers do marcador ISSR (UBC 807, UBC 808, UBC 809, UBC 810, UBC 811, UBC 817, UBC 825, UBC 826, UBC 827, UBC 828, UBC 829, UBC 834, UBC 840, UBC 888 E UBC 900) previamente padronizados por Souza et al. (2013).

Foi realizado reações de PCR em volume final de 20 μ L, contendo os seguintes

componentes: tampão de PCR [13,5 mM Tris-HCl (pH 8,3); 67,5 mM KCl; 2,0 mM MgCl₂], 200 μM de cada um dos quatro desoxirribonucleotídeos (dATP, dCTP, dGTP e dTTP), 0,7 μM de primer, 1 U de Taq DNA polimerase, 20 ng de DNA genômico e água. As amplificações foram realizadas em termociclador Veriti™ 96-Well Fast Thermal Cycler (Applied Biosystems), programada da seguinte forma: 95°C por 10 minutos, 35 ciclos [1 minuto a 95°C; 45 segundos a 50 - 62°C (dependendo do primer utilizado) e 2 minutos a 72°C] e extensão final a 72°C por cinco minutos. Os produtos das amplificações foram separados por eletroforese horizontal em gel de agarose a 1,5% por 3 horas e 30 minutos e corados com 12,5× Brometo de etídio. Em seguida, foram visualizados em transiluminador UV e fotodocumentados.

2.3 Análises Estatísticas

Os produtos amplificados foram designados como um único caractere, que teve sua presença representada por “1” e ausência por “0”. Os marcadores ISSR foram convertidos em uma matriz binominal (0/1). A relação genética entre os genótipos foi estimada pelo coeficiente de Jaccard, que resultou em uma matriz de similaridade. A concordância entre a matriz de similaridade e o dendrograma foi estimada pelo coeficiente de correlação cofenético (r), segundo Sokal e Rohlf (1962). O dendrograma foi encontrado através do Método do Grupo de Pareamento Não Ponderado usando médias aritméticas (UPGMA) para ilustrar a relação entre as duas populações coletadas. Todos os cálculos foram feitos no software PAST, versão 1.34 (Hammer et al., 2001).

A estrutura genética da população (heterozigosidade - H_e), bem como os valores de diferenciação genética de uma única população ou entre populações (índice de fixação- F_{st}) foram analisados no software Arlequin 3.11 (Excoffier et al., 2005). O teste de gargalo genético foi executado no software Bottleneck 1.2 (Cornuet e Luikart, 1997), para verificar se houve redução recente ou efetiva das populações através dos modelos de alelos infinitos (I.A.M.) e modelo de mutação por etapas (S.M.M.). O índice de Shannon, analisado por meio do programa Fingerprint Analysis with Missing Data 1.31 (FAMD), foi calculado para medir a diversidade da espécie na área. A análise de variância molecular (AMOVA) também foi usada para mostrar a distribuição da diversidade genética dentro e entre as populações. A diversidade genética total registrada através da análise foi dividida em dois níveis hierárquicos distintos, ou seja, diferenças entre populações e entre indivíduos dentro de uma única população. A AMOVA foi realizada de acordo com Excoffier et al. (1992), com o auxílio do software Arlequin e FAMD. Todas as etapas foram realizadas no Laboratório de Genética e Biologia Molecular Warwick Kerr (LabWick) da Universidade Estadual do Maranhão.

3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análises genéticas

Dos 15 primers de ISSR previamente selecionados e testados foram amplificados 12 e somente os locus UBC 827, UBC 900 e UBC 868 não foram amplificados. Com exceção dos locus UBC 807, 808, 840 e 825, o perfil eletroforético, resultante de reações envolvendo todos os primers utilizados, mostrou elevado nível de polimorfismo no DNA das amostras em estudo.

Os resultados da AMOVA (Tabela 1) da estrutura genética da população mostraram alta diversidade genética dentro das populações (82,2%) e baixa diversidade entre as populações (14,7%). Pontes et al. (2017) encontraram ϕ_{ST} 0,05 ($P \geq 0,001$), e variação de 6% entre progênies e 94% dentro das progênies em bacurizeiros da ilha de Marajó no Pará.

Os índices ϕ_{st} e F_{st} foram utilizados para medir a distância genética na população, eles foram executados em diferentes softwares (FAMD e Arlequim). Diferenças genéticas significativas foram encontradas: $\phi_{st} = 0,17$, $P < 0,001$ (FAMD); e $F_{st} = 0,147$ (Arlequim). Com relação ao índice de diversidade genética, a variação da heterozigosidade (H_e) foi de 0,133 a 0,533 (média - 0,333) na população 1 e 0,133 a 0,514 (média: 0,388) na população 2. O índice mostrou variação de 0,163 a 0,393 entre as duas populações. Quanto às espécies arbóreas, esse índice de diversidade genética estabelecido por Nei (1977), permanece elevado, no entanto, pode indicar pequena diferença populacional e perda de diversidade no curto prazo. O índice representa a heterozigosidade populacional (H_e) e gera valores entre 0 e 5 para cada locus. Souza (2013) comparou os resultados do índice de Nei e encontrou valores de diversidade genética (H_e) variando de 0,082 a 0,323 entre populações e 0,335 ao nível das espécies.

Fonte de Variação	Quadrados médios	Componente de variação	Taxa de variação
Na população	0.800	0.37	14.77273
Entre populações	60.667	2.16667	85.22727
Total	61.467	2.54222	-
F_{st}	0.14773	-	-
ϕ_{st}	0.17192	-	-

Tabela 1. Valores de AMOVA para populações de *Platonia insignis* na Reserva Extrativista Chapada Limpa, município de Chapadinha, Estado do Maranhão.

Teoricamente, os valores de F_{st} (ϕ_{st}) podem variar de 0 (sem divergência genética) a 1 (fixação de alelos); no entanto, o valor aqui observado foi muito inferior a 1. Wright (1978), por exemplo, sugeriu os seguintes valores na diretriz de interpretação da F_{st} : de 0 a 0,05, pouca diferenciação genética; de 0,05 a 0,15, diferenciação

genética moderada; de 0,15 a 0,25, grande diferenciação genética; e valores acima de 0,25 significam alta diferenciação genética. Logo na classificação de Wright (1965), os dados para os bacurizeiros em Chapadinha mostram moderada diferenciação genética. Os dados diferem de Pontes (2017), que encontrou F_{st} de 0,064 para bacuris no Pará.

O índice de diversidade de Shannon H , calculado no software FAMD, é comumente usado em estudos ecológicos para indicar a diversidade de espécies por área. O índice de Shannon foi de $0,030 \leq 0,175$ na população 1 e $0,041 \leq 0,204$ na população 2. O índice gera valores de 0 a 0,73 em uma escala logarítmica (Lowe et al., 2004). Os presentes dados corroboram os encontrados por Souza (2013), que estimaram o índice de diversidade de Shannon (H') e encontraram variação de $0,120 \leq H \leq 0,480$ e classificaram a população como apresentando altos índices de diversidade. Além disso, a variação de heterozigosidade na população variou de 0,133 a 0,533 na população 1, mas de 0,133 a 0,514 na população 2. No entanto, o índice variou de 0,163 para 0,393 na comparação entre as duas populações.

Locus	Teste Blotteneck			Índice de diversidade de Nei's				
	He	I.A.M.	S.M.M.	He		Média	Desvio	Total He
		Heq	Heq	Pop 1	Pop 2			
UBC 807	0.480	0.254	0.286	0.533	0.342	0.438	0.134	0.480
UBC 808	0.370	0.249	0.293	0.247	0.476	0.161	0.161	0.370
UBC 809	0.515	0.245	0.287	0.533	0.514	0.523	0.013	0.514
UBC 810	0.517	0.246	0.285	0.533	0.533	0.533	0.000	0.517
UBC 811	0.370	0.235	0.283	0.476	0.247	0.361	0.161	0.370
UBC 817	0.067	0.250	0.289	0.000	0.133	0.066	0.094	0.066
UBC 825	0.067	0.248	0.284	0.133	0.000	0.066	0.094	0.066
UBC 826	0.460	0.245	0.284	0.000	0.476	0.238	0.336	0.459
UBC 828	0.480	0.243	0.282	0.247	0.514	0.380	0.188	0.480
UBC 829	0.370	0.251	0.285	0.247	0.476	0.361	0.161	0.370
UBC 834	0.508	0.230	0.287	0.514	0.419	0.466	0.067	0.508
UBC 840	0.517	0.249	0.292	0.533	0.533	0.533	0.000	0.517
Média	0.393	0.245	0.286	0.533	0.361	0.361	0.039	0.393

Tabela 2. Teste Blotteneck (gargalo genético) e índices de diversidade de Nei para populações de *Platonia insignis* na Reserva Extrativista Chapada Limpa, município de Chapadinha, Estado do Maranhão.

Quando se trata do gargalo, H_e maior que H_{eq} na maioria dos locos foi registrado em ambos os modelos (I.A.M. e S.M.M.), com exceção dos loci UBC 817 e UBC 825, que apresentaram maiores valores de H_{eq} sobre heterozigose em ambos os modelos, evidenciando um possível decréscimo populacional a curto prazo (Tabela 4). O mesmo não foi observado no trabalho de Costa et al., (2015), trabalhando com mangaba (*Hancornia speciosa*), onde observou processo de deriva no modelo S.M.M.

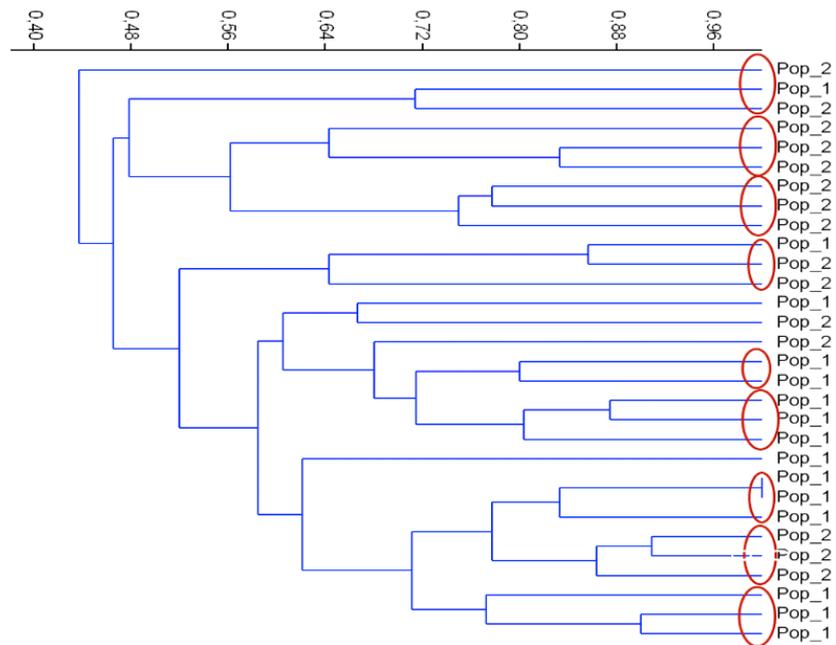


Figura 2. Dendrograma mostrando a similaridade entre indivíduos pertencentes às populações de *Platonía insignis* na Reserva Extrativista da Chapada Limpa.

Os valores do coeficiente de Jaccard calculados na matriz de distância variaram de 0,818 a 0,111, indicando altas e baixas correlações entre os indivíduos. O dendrograma mostrou 9 pequenos aglomerados demonstrando agrupamentos que englobaram indivíduos pertencentes às populações 1 e 2 em grupos separados, bem como agrupamentos que incluíram indivíduos pertencentes a ambas as populações (Figura 2).

4 | CONCLUSÃO

Os resultados evidenciaram uma diferenciação genética gradativa do bacuri na Reserva Extrativista da Chapada Limpa, mesmo com uma moderada diversidade genética, que pode ser consequência direta dos intensos eventos de queimadas comuns na reserva. Os resultados também mostraram uma maior diferenciação genética dentro das populações e pouca entre as populações. O teste de gargalo genético, mostrou processo de deriva apenas em dois locus, mas que pode ao longo do tempo levar a uma perda efetiva de alelos nas populações visto que a diferenciação genética entre as mesmas é baixa e a espécie necessita de fluxo gênico por ser uma alógama.

REFERÊNCIAS

ALVAREZ, A. S.; POTIGUARA, R. C. V. Caracterização anatômica foliar de espécimes de *Platonía insignis* Mart. (Clusiaceae) em diferentes períodos sazonais. **Bioscience Journal**, v. 29, n. 3, p. 562-569, 2013.

CARVALHO, J. E. U.; NASCIMENTO, W. M. O. Technological innovations in the propagation of Açai

palm and Bacuri. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 40, n. 1, 2018.

CARVALHO, J. E. U.; MULLER, C. H. Propagação do bacurizeiro. In: LIMA, M. da C. (Org.). **Bacurizeiro: agrobiodiversidade**. 1. ed. São Luis: IICA, p.29-46. 2007.

CARVALHO, J. E. U. de; NAZARÉ, R. F. R. de; NASCIMENTO, W. M. O. Características físicas e físico-químicas de um tipo de bacuri (*Platonia insignis* Mart.) com rendimento industrial superior. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.25, n.2, p.326-328, 2003.

CARVALHO, G. E. V.; SOUZA, V. A. B. de; COSTA, N. N.; SANTOS, A. W. O.; SILVA, R. R. Avaliação Biométrica de Plantas de Bacurizeiro (*Platonia insignis* Mart.) sob Manejo de Brotações Jovens no Estado do Maranhão. **Revista Brasileira de Agroecologia**. v. 4. nº 2, nov. 2009.

CAVALCANTE, P.B. Frutas comestíveis da Amazônia. **Belém: Museu Paraense Emílio Goldi**, 6. ed., p. 274, 1996.

CORNUET, J. M.; LUIKART, G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. **Genetics**, v. 4, 2001-2014, 1997.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissues. **Phytochem Bull.** 19:11-15, 1987.

EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S. Arlequin ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. **Evolutionary Bioinformatics Online**, v. 1, p. 7–50, 2005.

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P. E.; QUATTRO, J. M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, v.131, p.479-491, 1992.

FERREIRA COSTA, D.; VIEIRA, F. A.; FAJARDO, C. G.; CHAGAS, K. P. T. Diversidade genética e seleção de iniciadores ISSR em uma população natural de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) (Apocynaceae). **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal-SP, n. 4, p. 970–976, 2015.

GUIMARÃES, A. D. G. **Coleta de germoplasma de bacuri (*Platonia insignis* Mart.) na Amazônia. I. Microrregião Campos do Marajó**. Belém, Embrapa, Boletim de Pesquisa, p. 23, 1992.

HAMMER, O.; HARPER, D.A.T.; RYAN, P.D. PAST: paleontological statistics software package for education and data analysis. **Paleontologia Electronica**. v.4, p.1-9, 2001.

HOMMA, A.; CARVALHO, J. E. U. DE; MENEZES, A. J. E. A. de. **Fruta da Amazônia em ascensão: Bacuri**. Embrapa Amazônia Oriental, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Ciência Hoje, pp. 40-45, junh. 2010

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, IBGE. **Cidades**, Chapadinha, 2019. Disponível em: <<https://cidades.ibge.gov.br/brasil/ma/chapadinha/panorama>>, Acesso em: 19/ jun/2019.

LIMA E SILVA, M. C. B.; HIANE, P. A.; NETO, J. A. B.; MACEDO, M. L. R. Proteins of Bacuri almonds: nutritional value and in vivo digestibility. **Food Science and Technology**, Campinas, v. 34, n. 1, p. 55–61, 2014.

LOWE, A.; HARRIS, S.; ASHTON, P. Ecological genetics: design, analysis and application. **Blackwell Publishing**, Oxford, 2004. 344p.

NASCIMENTO, W. M. O. DO; CARVALHO, J. E. U. DE; MÜLLER, C. H. Ocorrência e distribuição geográfica do bacurizeiro. **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 29, nº. 3, p. 657-660,

2007.

NEI, M. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. **Annals of Human Genetics**, p. 225-233, 1977.

PONTES, L. C. G.; MOURA, E. F.; MOURA, M. F.; RODRIGUES, S. M.; OLIVEIRA, M. S. P.; CARVALHO, J. E. U.; THERRIER, J. Molecular characterization of progenies of bacurizeiro (*Platonia insignis*) from Marajó Island, northeastern Amazon. **Acta Amazonica**, v. 47, n. 4, p. 293–300, 2017.

SALIMATH, S.S.; DE OLIVEIRA, A.C.; GODWIN, I.D.; BENNETZEN, J.L. Assessment of genome origins and genetic diversity in the genus *Eleusine* with DNA markers. **Genome**, p. 757-763, 1995.

SILVA, R. G.; CHAVES, M. C. L.; ARNHOLD, E.; CRUZ, C. D. Repetibilidade e correlações fenotípicas de caracteres do fruto de bacuri no estado do maranhão. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 31, n. 4, p. 587–591, 2009.

SOARES, J. L. N.; ESPINDOLA, C. R.; PEREIRA, L. C. Projeto de assentamento rural no cerrado maranhense: uma proposta Agroecológica. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v.2, n.1, 2007.

SOUZA, I. G B; SOUZA, V. A B; LIMA, P. S C. Molecular characterization of *Platonia insignis* Mart. (“Bacurizeiro”) using inter simple sequence repeat (ISSR) markers. **Molecular Biology Reports**, v. 40, n. 5, p. 3835–3845, 2013.

SOUZA, V. A.B.; VASCONCELOS, L. F. L.; ARAÚJO, E.C. E.; ALVES, R. E. **O bacurizeiro (*Platonia insignis* Mart.)**. Série Frutas Nativas, 11. Jaboticabal: Funep, p. 72, 2000.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon, Utrecht**, v.11, p.30-40, 1962.

UEKANE, T. M.; NICOLOTTI, L.; GRIGLIONE, A.; BIZZO, H. R.; RUBIOLO, C. B.; ROCHA-LEÃO, M. H. .; REZENDE, C. M. Studies on the volatile fraction composition of three native Amazonian-Brazilian fruits: Murici (*Byrsonima crassifolia* L., Malpighiaceae), bacuri (*Platonia insignis* M., Clusiaceae), and sapodilla (*Manilkara sapota* L., Sapotaceae). **Food Chemistry**, v. 219, p. 13–22, 2017.

WRIGHT, S. **Variability within and among natural populations**. Vol. 4. The University of Chicago Press, Chicago. 1978.

SOBRE O ORGANIZADOR

BENEDITO RODRIGUES DA SILVA NETO Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia (Universidade Candido Mendes - RJ). Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática (2014). O segundo Pós doutoramento foi realizado pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com o projeto Análise Global da Genômica Funcional do Fungo *Trichoderma Harzianum* e período de aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Seu terceiro Pós-Doutorado foi concluído em 2018 na linha de bioinformática aplicada à descoberta de novos agentes antifúngicos para fungos patogênicos de interesse médico.

Palestrante internacional com experiência nas áreas de Genética e Biologia Molecular aplicada à Microbiologia, atuando principalmente com os seguintes temas: Micologia Médica, Biotecnologia, Bioinformática Estrutural e Funcional, Proteômica, Bioquímica, interação Patógeno-Hospedeiro.

Sócio fundador da Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente, desde 2016, no centro-oeste do país.

Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Atuou como Professor Doutor de Tutoria e Habilidades Profissionais da Faculdade de Medicina Alfredo Nasser (FAMED-UNIFAN); Microbiologia, Biotecnologia, Fisiologia Humana, Biologia Celular, Biologia Molecular, Micologia e Bacteriologia nos cursos de Biomedicina, Fisioterapia e Enfermagem na Sociedade Goiana de Educação e Cultura (Faculdade Padrão). Professor substituto de Microbiologia/Micologia junto ao Departamento de Microbiologia, Parasitologia, Imunologia e Patologia do Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (IPTSP) da Universidade Federal de Goiás. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e Coordenador do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Atualmente o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais. Contato: dr.neto@ufg.br ou neto@doctor.com

ÍNDICE REMISSIVO

A

Abelha sem ferrão 58
Amarílis 11, 13, 15, 16

B

Bulbos 11, 13, 14, 15, 16

C

Cerrado 17, 26, 27, 28, 34, 35, 37, 38, 39, 45, 58, 59
Criopreservação 68, 69, 70, 73, 74, 77

D

Descritores 3, 11, 15, 33
Diversidade Genética 1, 2, 6, 9, 16, 26, 28, 29, 34, 36, 38, 40, 41, 43, 44, 46, 48, 51, 53, 55, 57

F

Fruteiras Nativas 26, 35

G

Gabirobeira 26, 27
Gargalo 36, 40, 42, 43
Glicerol 21, 67, 68, 73, 74, 75, 76, 78

I

Inovação 18, 67, 71

M

Manihot Esculenta 1, 4
Migração 18, 23, 58, 62, 63, 64

P

Populações 12, 14, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 36, 37, 38, 40, 41, 42, 43, 47, 48, 51, 52, 53, 54, 57, 59
Produtividade 2, 5, 26, 27, 29, 32, 33, 48, 58, 60, 63, 71
Proteômica 18, 79
Protocolo 18, 21, 22, 36, 39, 67, 74

R

Reserva 36, 38, 41, 42, 43

S

Seleção 5, 7, 9, 28, 32, 33, 44, 46, 49, 52, 53, 54, 55

Skim Milk 67, 68, 73, 74, 75, 76

V

Variabilidade 1, 4, 5, 7, 9, 12, 26, 29, 30, 32, 33, 35, 38, 47, 48, 51, 52, 55, 56

Variedade Genética 46

Variedades Tradicionais 5, 7

Vigna Unguiculata 5, 6, 10

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-628-7

