



Pesquisa caracteriza a diversidade genética do inhame

O inhame (*Dioscorea* spp.), também conhecido como ‘cará’ em algumas regiões do Brasil, constitui alimentação básica para mais de 100 milhões de pessoas e representa, atualmente, uma das mais importantes culturas de raízes e tubérculos do mundo. Neste cenário, a África detém a hegemonia, sendo responsável por cerca de 96% da produção mundial de inhame, onde destaca-se países como Gana, Costa do Marfim e Nigéria. Embora o Brasil possua registros de cultivo de inhame desde os primórdios da colonização e apresente condições edafoclimáticas favoráveis para o cultivo e exploração dessa cultura, sua participação no mercado mundial ainda é pequena, cerca de 0,5%.

Entre as espécies importantes economicamente no cenário mundial, destaca-se *D. cayenensis* (inhame amarelo) e *D. rotundata* (inhame branco). Atualmente existem ainda controvérsias sobre a taxonomia dessas espécies. Alguns pesquisadores as consideram como sendo duas espécies diferentes, enquanto outros consideram ambas como parte de um complexo de espécies. Estas espécies são mantidas sob cultivo por comunidades tradicionais em sistema de agricultura familiar, que vem sofrendo fortes pressões socioeconômicas ao longo dos últimos anos, colocando em risco a diversidade genética dos recursos vegetais mantidos nesses ambientes.

Visto que existem atualmente no Brasil poucas pesquisas relacionadas ao inhame, a bióloga Lidinalva Resende Gomes da Silva procurou caracterizar a diversidade genética de etnovarietades de *Dioscorea cayenensis* e *D. rotundata* provenientes de diversos municípios das regiões Sul, Sudeste e Nordeste do país, utilizando marcadores morfológicos e moleculares. O estudo foi desenvolvido no programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramentos de Plantas, na Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (USP/ESALQ), sob orientação de Elizabeth Ann Veasey, professora do Departamento de Genética (LGN) da ESALQ.

Para tanto foram visitadas 45 unidades familiares, num total de 22 municípios, sendo nove no Estado de Pernambuco e nove no Estado da Paraíba, ambos no Nordeste, dois em São Paulo, região Sudeste e dois em Santa Catarina, na região Sul, abrangendo 39 comunidades ou bairros. Um total de 48 acessos coletados nessas visitas foi plantados no campo experimental do LGN, onde foram avaliados com base em 18 descritores morfológicos. “Uma biblioteca genômica foi construída para a seleção de marcadores moleculares, como os microssatélites, que foram utilizados para estimar a diversidade genética, juntamente com os marcadores morfológicos, explica a autora do estudo.

Os resultados demonstraram elevada variabilidade genética para ambos os marcadores, morfológicos e microssatélites, entre os acessos. “Observou-se que a maior parte dessa variabilidade encontra-se entre regiões e entre espécies, e que essa variabilidade encontra-se estruturada no espaço, havendo alta e significativa correlação entre distâncias genéticas e distâncias geográficas, bem como alta correlação entre ambos os marcadores”, explica. Tanto as análises de agrupamento, como as análises de coordenadas principais, indicaram a separação dos acessos em dois grupos distintos: grupo I, com acessos coletados na região Nordeste e em sua maioria identificados como pertencentes à espécie *D. rotundata*, e grupo II, com acessos coletados na região Sudeste e em sua maioria identificados como pertencentes à espécie *D. cayenensis*, sendo que os três acessos coletados na região Sul ficaram ou na zona intermediária entre os dois grupos, ou em um dos grupos. “Diante desses dados pode-se inferir que no Brasil ocorre, aparentemente, uma separação entre as espécies em estudo, sendo que *D. cayenensis* ocorre principalmente na região Sudeste e *D. rotundata* ocorre predominantemente na região do Nordeste”, comenta a bióloga.

Nomes populares – Com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp) e do Conselho Nacional para o Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), e com a colaboração de

diversos pesquisadores e alunos, como os doutorandos Wellington F. Nascimento e Thiago F. Mezette, o projeto constatou ainda a grande variabilidade de nomes populares dados a estas espécies, tais como o “inhame da costa”, citado por 47% dos agricultores, todos do Nordeste, seguido do “inhame de Pernambuco”, com 18%, sendo que o nome “inhame da costa” foi mais citado no Estado de Pernambuco, e “inhame de Pernambuco” foi predominantemente citado no Estado da Paraíba. No Nordeste foram também citados os nomes “inhame original” (9%), “inhame japecanga” (7%), “inhame” (4%), e “inhame cará babão”, “inhame da rama verde”, “inhame da folha larga” e “inhame da folha cacheada”, com 2%. Já nas regiões Sul e Sudeste, esta espécie é conhecida como “cará de espinho”, tendo sido citada em 18% das unidades amostrais do estudo, mas em 80% com relação aos dez agricultores que cultivavam esta espécie nos Estados de São Paulo e Santa Catarina, além do nome “cará espinhento” (2%) também foi citado uma vez no município de Ubatuba, SP.

“O conjunto de informações geradas nesta pesquisa reforça a importância da identificação e caracterização da diversidade genética dessas espécies ou desse complexo de espécies, trazendo subsídios para programas de melhoramento no Brasil, bem como a grande importância dos agricultores tradicionais e/ou familiares na conservação e geração de variabilidade dessas espécies”, ressalta Lidinalva. Além disso, a pesquisadora verifica a necessidade de se realizar expedições de coleta a fim de preservar esses recursos genéticos por meio de práticas de conservação ex situ, em bancos de germoplasma, como in situ, dentro da visão de conservação in situ na propriedade rural, conhecida como conservação on farm. “A proposta é facilitar a utilização desses recursos em futuros programas de melhoramento genético da cultura do inhame”, conclui. [www.esalq.usp.br/acom].