

Ciências Biológicas

MARCADORES ISSR PARA ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE E DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE CLONES DE *Solanum tuberosum*

Clesyane Almeida Nascimento - 7º módulo de Ciências Biológicas (Licenciatura), UFLA, Bolsista PIBIC/Fapemig.

Beatriz Panegassi de Souza - Coorientadora, Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, UFLA.

Matheus Buzatti Queiroz - Me. em Genética e Melhoramento de Plantas, UFLA.

Rafael Pereira - Técnico do Laboratório de Genética Molecular, UFLA.

Evandro Novaes - Professor do Departamento de Biologia, UFLA - Orientador - Orientador(a)

Resumo

A batata (*Solanum tuberosum*) é uma cultura essencial no Brasil, destacando-se por sua alta produtividade e valor nutricional. O melhoramento genético desta cultura busca selecionar clones que maximizem a produtividade de forma sustentável. Para garantir a continuidade dos ganhos de seleção é crucial o monitoramento da diversidade genética ao longo das gerações de melhoramento. Com isso, este estudo objetivou estimar a diversidade e a distância genética entre os clones de *Solanum tuberosum* do Programa de Melhoramento de Batata da UFLA, com marcadores ISSRs. Para isso, o DNA de 20 indivíduos foi extraído, quantificado e avaliado com espectrofotômetro NanoDrop e eletroforese em gel de agarose. Para genotipagem, foram amplificados locos ISSR com seis primers por meio da reação em cadeia da polimerase (PCR), com volume total de 12uL, contendo 2,6uL de água destilada, 5uL de DNA a 10 ng/uL, 2uL de primer a 2 uM e 2,4uL de Enzima FirePool. Para verificar a amplificação, os produtos das PCRs foram submetidos à eletroforese em gel de agarose na concentração de 1,5. As bandas polimórficas foram avaliadas como presença (1) ou ausência (0) e os dados binários foram analisados no software R. O pacote poppr foi utilizado para calcular a heterozigosidade esperada. A distância genética foi estimada com o pacote ade4 por meio do índice de dissimilaridade de Jaccard. A partir da matriz de distância, foi gerado um dendrograma pelo método UPGMA com grupos estabelecidos pelo método de Mojena. A consistência dos grupos foi avaliada com 1000 reamostragens (bootstraps). Entre os seis primers testados, foram obtidas 14 bandas polimórficas, variando de uma (primer 868) a quatro (primer 840). A heterozigosidade média esperada foi de 0,42, sendo esse um valor alto se comparado a outros trabalhos com batata presentes na literatura, sugerindo a existência de uma razoável variabilidade genética dentro do conjunto de clones avaliados. A dissimilaridade de Jaccard variou de 0,35 a 0,91 e resultou em um dendrograma com dois clusters significativamente diferentes. O clone CCF0104 compôs sozinho um dos grupos, enquanto o outro grupo compreendeu os outros 19 clones. Diante disso, conclui-se que a diversidade genética entre os clones pode oferecer potenciais ganhos em futuros ciclos de seleção. A divergência genética do clone CCF0104 em relação aos demais reforça a necessidade de monitoramento da estrutura genética para otimizar as estratégias de melhoramento.

Palavras-Chave: Heterozigosidade, Clones, Melhoramento Genético.

Instituição de Fomento: UFLA; FAPEMIG

Link do pitch: <https://youtu.be/KiubHoXQ0eY>