

## Caracterização molecular de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) com marcadores microssatélites

Angela Rohr<sup>1\*</sup>; Juliana Castelo Branco Villela<sup>2</sup>; Arione da Silva Pereira<sup>3</sup>; Caroline Marques Catro<sup>3</sup>

<sup>1</sup> UFPel/Embrapa Clima Temperado; <sup>2</sup>CNPq/Embrapa Clima Temperado; <sup>3</sup>Embrapa Clima Temperado; \*[angelbio10@yahoo.com.br](mailto:angelbio10@yahoo.com.br)

Marcadores moleculares vêm sendo utilizados com frequência pelos programas de melhoramento genético de plantas para estimar a variabilidade genética encontrada no germoplasma disponível e definir estratégias para melhor explorar esta diversidade. A análise da distância genética é uma ferramenta auxiliar de grande importância em programas de melhoramento, é um importante elo entre a conservação e o uso dos recursos genéticos uma vez que possibilita a obtenção de informações a respeito da organização do germoplasma auxiliando na definição dos blocos de cruzamento artificiais que melhor explorem a diversidade genética. O objetivo deste trabalho foi caracterizar genótipos da coleção de trabalho do programa Nacional de melhoramento genético de batata da EMBRAPA com marcadores microssatélites. O trabalho foi desenvolvido no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Clima Temperado, Pelotas RS. Foram caracterizados 58 genótipos de batata, com base em 5 *loci* microssatélites. A extração de DNA foi realizada de acordo com o protocolo de DarT<sup>®</sup>. As reações de PCR foram realizadas em um volume final de 20µL, contendo 20ng de DNA genômico, 0,5µM de cada primer, 200µM de dNTP e 1U de *Taq* em 10mM de Tris-HCL pH 8,3, 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub> e 50 mM de KCL. O produto da amplificação foi separado em gel de agarose 3,0% e visualizado por meio de coloração com gel red. As amplificações obtidas foram classificadas conforme presença (1) e ausência (0) de bandas. Os dados gerados foram utilizados para o cálculo da similaridade genética, com o auxílio do programa computacional NTSYS. Para o cálculo da similaridade genética, foi utilizado o coeficiente de Jaccard e com base na matriz de similaridade gerada foi construído um dendrograma por meio do método de agrupamento UPGMA. Para a verificação do ajuste entre a matriz de similaridade e o respectivo dendrograma, foi estimado o coeficiente de correlação cofenética (*r*). A similaridade média entre os genótipos avaliados foi de 0,57. O emprego da similaridade média como critério para definição dos grupos propiciou a visualização de nove grupos, dos quais I, II, III e IX agruparam-se de forma isolada dos demais, demonstrando uma grande dissimilaridade genética com os outros genótipos do estudo. Pode-se concluir que os marcadores microssatélites foram eficientes para detectar a variabilidade genética existente entre os genótipos de batata que compõem coleção de trabalho do programa Nacional de melhoramento genético de batata da EMBRAPA. As amostras Atlantic, Shepody, Cupido e Amorosa, apresentaram a maior dissimilaridade entre os genótipos em estudo.

Palavras-chave: distância genética, germoplasma, recursos genéticos

“Apoio: EMBRAPA, Capes, CNPq”