



III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

18 a 21 de novembro de 2014 Santos-SP

ISBN - 978-85-66836-07-3

AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE PERA (BAG-PERA) UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES SSR

PAULA LONGHI¹, CHAIANE BREMM², ARTUR TEIXEIRA DE ARAUJO JUNIOR³,
JÚLIA GAVIRAGHI BRUSTOLIN¹, VANESSA FONTANA⁵, PATRICIA RITSCHEL⁶

¹Graduanda, estudante de Biologia, Universidade de Caxias do Sul, Bento Gonçalves-RS, e-mail: paula.longhi@hotmail.com; Julia.brustolin@hotmail.com

²Graduanda Instituto Federal do Rio Grande do Sul, Gonçalves-RS, e-mail: chaiane.bremm@gmail.com

³Engenheiro, estudante de pós-graduação, Universidade Federal de Pelotas-RS, e-mail: arturtaj@hotmail.com.

⁵Graduanda, estudante de Agronomia, Universidade Luterana do Brasil, Canoas-RS, e-mail: wanessafontana@yahoo.com.br

⁶Pesquisadora – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Uva e Vinho. E-mail: patricia.ritschel@embrapa.br

Resumo: Com o desenvolvimento de novas cultivares, observa-se a diminuição da variabilidade genética, sendo necessária a manutenção de coleções de germoplasma organizadas, para garantir o acesso aos recursos genéticos. O objetivo deste trabalho foi caracterizar e avaliar a diversidade genética entre os acessos de pereira existentes no BAG-Pera utilizando marcadores moleculares SSR, visando organizar os recursos genéticos e apoiar as atividades de melhoramento genético. Foram usados 11 marcadores moleculares, descritos na literatura, para analisar os 283 acessos de pera. O DNA foi extraído de folhas jovens e amplificado em reações de PCR. Os fragmentos foram separados em gel de poliacrilamida denaturante 6% e corados com nitrato de prata. A probabilidade de identidade combinada foi de $7,59719 \times 10^{-11}$; a heterozigosidade média observada de 52,36% e a média de polimorfismo de alelos por loco foi 77,4%. No total, observou-se 25% de duplicações na coleção. Estes resultados, além de ajudarem no gerenciamento da coleção, contribuirão no desenvolvimento de novas cultivares.

Palavras-chaves: *Pyrus* spp, recursos genéticos, diversidade genética