

DIVERSIDADE GENÉTICA EM TRIGOS SINTÉTICOS USANDO MARCADORES MOLECULARES

Patrícia Frizon^{1*}; Carolina Cardoso Deuner²; Sandra Patussi Brammer³; Jossana Santos⁴; Maria Imaculada Pontes de
Moreira Lima⁵; Ricardo Lima de Castro⁵; Tammy Aparecida Manabe Kiihl⁵; Eugênia Martin⁶

¹Engenheira Agrônoma, Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil, patriciafrizon@gmail

²Engenheira Agrônoma, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil, carolinadeuner@upf.br.

³Bióloga, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, Brasil, sandra.brammer@embrapa.br

⁴Bióloga, Programa de Pós Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil, jojossana@hotmail.com

⁵Eng. Agr., Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, Brasil, maria-imaculada.lima@embrapa.br, ricardo.castro@embrapa.br, tammy.kiihl@embrapa.br

⁶Geneticista, IICAR-CONICET, Faculdade de Ciencias Agrárias, UNR, Zavalla, SF, Argentina, eamartin@unr.edu.ar

Trigos sintéticos hexaploides são resultados de cruzamentos interespecíficos envolvendo cultivares tetraploides (por exemplo, *Triticum turgidum*, genomas AABB) e diploides (*Aegilops tauschii*, genoma DD). Os híbridos triploides produzidos (ABD) são altamente estéreis, sendo necessário cultivo *in vitro* do embrião imaturo, seguido da duplicação cromossômica com colchicina, visando à síntese artificial do trigo hexaploide e restauração da fertilidade. Estes trigos são genomicamente anfidiplóides e devido à combinação dos genomas dos pais apresentam resistência principalmente a fungos e insetos, servindo como fonte de germoplasma valiosa para o melhoramento genético. Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar a diversidade genética de 20 acessos de trigos sintéticos, provenientes do CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo) e seis cultivares de trigo (*T. aestivum*), desenvolvidas pela Embrapa Trigo. Para realização da extração de DNA do material vegetal foi utilizado o método CTAB. Foram utilizados 42 marcadores microsatélites SSR específicos para o *T. aestivum*, sendo que as amplificações foram realizadas em termociclador TM (Bio-Rad). Os fragmentos amplificados foram separados em géis de agarose a 2%, analisando-se pela presença ou ausência do alelo. Os dados foram analisados no programa estatístico InfoGen, sendo calculado a distância genética de Dice e posterior análise de agrupamento pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), obtendo-se o dendrograma correspondente. Das 26 amostras (genótipos), utilizadas nenhuma se encontra duplicada. Dos 42 marcadores moleculares utilizados, 80,82% foram polimórficos. O número máximo de alelos observados foram quatro, com uma amplificação de 83,33%. Considerando os conteúdos de informação polimórfica (PIC), foi observado que os maiores conteúdos foram de 0,37 e 0,35, obtidos em quatro primers, representando-se como os mais informativos. Já dois primers apresentaram PIC de 0,07, ou seja, valores muito baixos para capacidade discriminatória. Por último, os oito marcadores restantes apresentaram capacidade similar de análise discriminatória. A menor probabilidade de que os indivíduos apresentam o mesmo alelo foi encontrada em 20 primers, indicando que estes podem apresentar um alto grau de confiança para identificação de cultivares de trigo. Entretanto, oito marcadores não apresentaram nenhuma capacidade discriminatória, os quais não foram considerados na análise. Para a distância genética obtida, por meio do índice de Dice, a média entre os genótipos analisados foi de 42%, considerada uma distância alta, principalmente por se tratar de híbridos interespecíficos, demonstrando grande variabilidade genética. Isto também ficou comprovado na formação do dendrograma (coeficiente de correlação cofenética: 0,767) uma vez que este apresentou a formação de quatro grupos principais, sendo que as cultivares de trigo mantiveram-se em um dos grupos e os demais acessos, distribuídos nos demais grupo. Portanto, os trigos sintéticos apresentaram elevada variabilidade genética, fazendo com que estes possam ser usados no melhoramento genético de trigo, a fim de aumentar a diversidade genética da espécie.

Agradecimentos: *Bolsista Fapergs / Convênio Capes Programa Centros Associados para o Fortalecimento da Pós-Graduação Brasil-Argentina (CAFP-BA).