



## ESTIMATIVA DE DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ESPÉCIES DE CANA COM POTENCIAL SUCROENERGÉTICO

Tatiana Santos Costa<sup>1\*</sup>; Luiz André Santos Silva<sup>2</sup>; Adriane Leite do Amaral<sup>1</sup>; João Messias dos Santos<sup>3</sup>; Geraldo Veríssimo de Souza Barbosa<sup>3</sup>; Leandro E. C. Diniz<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Tabuleiros Costeiros; <sup>2</sup>Universidade Tiradentes; <sup>3</sup>Universidade Federal de Alagoas. \*E-mail do autor apresentador: [tatianaitase@gmail.com](mailto:tatianaitase@gmail.com)

Originária das regiões tropicais do Sul e Sudeste asiático, a cana-de-açúcar foi introduzida no Brasil já na época do descobrimento. A cana-de-açúcar cultivada (*Saccharum* sp.) pertence ao grupo taxonômico chamado “Complexo *Saccharum*” o qual é composto por cinco gêneros, onde a maioria das espécies são férteis e intercruzáveis. A Embrapa Tabuleiros Costeiros (CPATC) e a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA/UFAL), instituições parceiras em pesquisa, mantêm em seus bancos de germoplasma diversos acessos silvestres do complexo *Saccharum* (*S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. robustum*, *Erianthus* e *Miscanthus*). Estudos com marcadores moleculares vêm sendo realizados a fim de conhecer, caracterizar e conservar a diversidade genética neste complexo. Por serem marcadores de alta reprodutibilidade e polimorfismo, os ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) foram utilizados neste trabalho com o objetivo de avaliar a diversidade genética entre 10 acessos do Complexo *Saccharum* e duas variedades comerciais conservados nos BAG da Embrapa e RIDESA, respectivamente em Sergipe e Alagoas. Folhas jovens foram coletadas para extração do DNA genômico. Dezoito marcadores ISSR foram utilizados e os produtos da PCR foram submetidos à eletroforese em gel de agarose e, posteriormente visualizados sob luz ultravioleta. A estimativa de diversidade genética foi realizada utilizando o software GeneALEX 6.5, no qual foi possível os acessos VC1 e VC2 são os mais próximos geneticamente, enquanto VC1 e EA1 são os mais distantes. Também foi possível agrupar 12 indivíduos de acordo com a predominância dos teores de fibra ou açúcar, por meio da Análise de Coordenadas Principais (ACOP). Esta análise permitiu visualizar a formação de três grupos distintos, onde o grupo 1 separou os acessos considerados de elevado teor de açúcar, destacando os dois acessos da Variedade Comercial. O grupo 2 foi formado por 5 acessos com produção intermediária de açúcar e fibra, destacando os dois acessos de *Miscanthus* sp. O grupo 3 colocou em destaque os acessos de *Erianthus* sp., que são reconhecidos pelo alto teor de fibra em sua composição. Os marcadores moleculares utilizados foram eficientes na avaliação da diversidade genética entre os acessos do complexo *Saccharum*, agrupando-os de acordo com suas características para açúcar ou fibra.

**Palavras-chave:** Complexo *Saccharum*; Conservação; Marcadores ISSR.

**Agradecimentos:** À Embrapa Tabuleiros Costeiros, SOCOCO, Universidade Tiradentes e FAPITEC-SE/CNPq pela bolsa DCR.