



III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

18 a 21 de novembro de 2014 Santos-SP

ISBN - 978-85-66836-07-3

VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSO DE BATATA-DOCE DO BRASIL COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES

ELIANE GOMES FABRI¹; ELIZABETH ANN VEASEY²; JOÃO BOSCO C. SILVA³; MARCOS VINÍCIUS B. M. SIQUEIRA⁴; ALINE BORGES⁵; PAULO CESAR TAVARES DE MELO⁶

¹Pesquisadora-Instituto Agronômico – IAC/APTA, e-mail: efabri@iac.sp.gov.br

²Professora da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Departamento de Genética, e-mail: eaveasey@usp.br

³Pesquisador-Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Hortaliças, e-mail: jbosco@cnph.embrapa.br

⁴Biólogo, estudante de pós-graduação, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ/USP.

⁵Bióloga, estudante de pós-graduação, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ/USP.

⁶Professor da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Departamento de Produção Vegetal, e-mail: pcdemelo@usp.br

Resumo: A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) é autohexaplóide ($2n=6X=90$), originária da América tropical e ocorre em todo o Brasil. Embora seja propagada principalmente por via assexuada, existe grande variabilidade fenotípica e genotípica. O objetivo deste estudo foi caracterizar a variabilidade genética de 111 acessos de batata-doce do BAG da Embrapa Hortaliças. O método de extração e quantificação de DNA utilizado baseou-se na metodologia de Doyle & Doyle (1987), modificada. Utilizaram-se os primers: Ib-316, Ib-318, Ib-242, Ib-248, Ib-255F, Ib-255, Ib-286 e Ib-297, os quais mostraram-se polimórficos e apresentaram repetibilidade. Devido à hexoploidia da espécie, os dados foram genotipados como presença ou ausência de bandas (1/0). Com os dados binários obteve-se uma matriz com o coeficiente de Jaccard, realizando-se uma análise de agrupamento pelo critério UPGMA. A precisão dos agrupamentos foi avaliada pelo método de Bootstrap, por meio do software BOOD Versão 2.0. Os dados binários foram submetidos a uma análise de variância molecular (AMOVA) para verificar a variabilidade entre e dentro de regiões, utilizando o programa Arlequin. Observou-se elevada variabilidade genética para os 111 acessos, verificada pela grande amplitude no coeficiente de similaridade de Jaccard (0,23 a 1,0). Pela análise de agrupamento os materiais não se agruparam por cor ou por região geográfica, mostrando que materiais muito distantes geograficamente podem ser geneticamente muito próximos ou até mesmo idênticos (duplicatas), observando-se neste estudo oito duplicatas. A AMOVA indicou que a maior parte da variabilidade encontra-se distribuída dentro de regiões geográficas. Neste trabalho, a maior variação pode estar relacionada com a grande quantidade de materiais originados de diversas localidades do Brasil.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* L.; Marcadores moleculares; Diversidade genética.